

LEOCIR BETTIOLLO JUNIOR

**APLICAÇÃO DE TÉCNICAS DE RECONHECIMENTO DE
PADRÕES PARA A INVESTIGAÇÃO DE SÍNDROME DE DOWN
NO PRIMEIRO TRIMESTRE DE GRAVIDEZ**

Dissertação apresentada como requisito parcial à obtenção do grau de Mestre em Ciências, do Programa de Pós-Graduação em Métodos Numéricos em Engenharia, na Área de Concentração em Programação Matemática, dos Setores de Tecnologia e de Ciências Exatas da Universidade Federal do Paraná.

Orientadora: Profa. Dra. Maria Teresinha
Arns Steiner

**CURITIBA
2009**

TERMO DE APROVAÇÃO

LEOCIR BETTIOLLO JUNIOR

**APLICAÇÃO DE TÉCNICAS DE RECONHECIMENTO DE
PADRÕES PARA A INVESTIGAÇÃO DE SÍNDROME DE DOWN
NO PRIMEIRO TRIMESTRE DE GRAVIDEZ**

Dissertação aprovada como requisito para obtenção do grau de Mestre em Ciências, do Programa de Pós-Graduação em Métodos Numéricos em Engenharia, na Área de Concentração em Programação Matemática dos Setores de Tecnologia e de Ciências Exatas da Universidade Federal do Paraná, pela seguinte banca examinadora:

Orientadora:

Profa. Dra. Maria Teresinha Arns Steiner
Coordenação do Curso de Engenharia de Produção, UFPR

Prof. Dr. Anselmo Chaves Neto
Departamento de Estatística, UFPR

Prof. Dr. Fábio Hernandes
Departamento de Ciência da Computação, UNICENTRO

Curitiba, 15 de setembro de 2009

Dedico este trabalho à minha
maravilhosa família.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pela vida.

À minha esposa e companheira Karina por todo o apoio nesta caminhada, por toda sua dedicação de esposa, de mãe, por todo o seu amor. Agradeço pelo incentivo à realização deste projeto e principalmente pelo apoio nas horas mais difíceis desta caminhada.

À minha mãe, Inez, que dedicou anos de sua vida em prol da educação dos filhos, não medindo esforços para a realização de cada etapa da vida de cada um. Agradeço pelos seus ensinamentos e principalmente pelo seu amor.

Ao meu pai, Leocir, que me orientou em cada fase da minha vida e juntamente com minha mãe, trabalhou em prol da educação dos filhos. Agradeço pelo amor dedicado.

À minha filha, Maria Fernanda, que com seu jeito inocente de criança me acompanhou em muitas noites de trabalho deste projeto, mesmo sem saber o que acontecia.

Ao meu amigo Rodrigo, que por muitas vezes abriu mão das suas atividades escolares para que eu pudesse trabalhar com maior tranquilidade e conforto.

À minha irmã, Jaqueline, e meu cunhado João, que durante estes dois anos de estudos em Curitiba me acolheram em sua casa, fazendo com que me sentisse em minha própria casa. Agradeço pela confiança e por todo carinho.

Aos meus familiares, irmãos, irmãs, cunhados, cunhadas, sogro, sogra, que me apoiaram durante este processo, cada qual com seu gesto, com seu pensamento, com suas palavras de carinho e apoio.

Aos amigos de curso, que de uma forma ou outra me ajudaram na realização deste trabalho.

À colega Jenifer que me auxiliou com a obtenção dos dados e com esclarecimentos sobre a Síndrome de Down.

Aos amigos, Aline, Crisiane, Vanderlei, Vanessa e Vânia, mais que amigos de curso, amigos que estavam presente em todos os momentos, fossem esses momentos fáceis ou difíceis, alegres ou tristes. Obrigado a vocês pelo companheirismo.

À Maristela, secretária do CESEC, pela sua amizade e dedicação a todos do CESEC. Obrigado pelo incrível e contagiante bom humor que faz com que o CESEC seja um extraordinário local de estudos.

À minha orientadora, Professora Teresinha, que além de propor este trabalho, me auxiliou ao longo desta jornada. Agradeço pela paciência, pela prontidão, por todos os atendimentos e principalmente pela orientação que fez com que este trabalho fosse concluído com muita qualidade.

Ao Professor Anselmo, pela ajuda no desenvolvimento deste trabalho.

Aos professores do curso, pelos seus ensinamentos.

SUMÁRIO

LISTA DE QUADROS	viii
LISTA DE FIGURAS	ix
RESUMO	x
ABSTRACT	xi
CAPÍTULO I.....	1
1 INTRODUÇÃO.....	1
1.1 OBJETIVOS DO TRABALHO	5
1.2 JUSTIFICATIVA PARA O DESENVOLVIMENTO DO TRABALHO	5
1.3 ESTRUTURA DO TRABALHO	6
CAPÍTULO II.....	8
2 DESCRIÇÃO DO PROBLEMA	8
2.1 INTRODUÇÃO.....	8
2.2 OBTENÇÃO DOS DADOS.....	8
2.3 SOBRE OS ATRIBUTOS.....	9
2.4 CODIFICAÇÃO DOS ATRIBUTOS	10
CAPÍTULO III	12
3 REFERENCIAL TEÓRICO.....	12
3.1 TRABALHOS CORRELATOS	12
3.2 REDES NEURAIS ARTIFICIAIS	14
3.2.1 BREVE HISTÓRICO.....	14
3.2.2 NEURÔNIO ARTIFICIAL	18
3.2.3 CARACTERÍSTICAS DE UMA REDE NEURAL ARTIFICIAL	21
3.2.4 FUNÇÕES DE ATIVAÇÃO DE UMA REDE NEURAL ARTIFICIAL	23
3.2.5 TREINAMENTO DE UMA REDE NEURAL ARTIFICIAL.....	24
3.2.6 FLUXO DE DADOS EM UMA REDE NEURAL ARTIFICIAL	26
3.2.7 ALGORITMO <i>BACK-PROPAGATION</i>	26
3.2.8 FORMAS DE AVALIAÇÃO DE RNAs	28
3.3 O PROBLEMA DA REGRESSÃO	31
3.3.1 REGRESSÃO LOGÍSTICA.....	33
CAPÍTULO IV	35
4 APLICAÇÃO DAS TÉCNICAS DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS E REGRESSÃO LOGÍSTICA E OBTENÇÃO DOS RESULTADOS	35
4.1 APLICAÇÃO DAS TÉCNICAS DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS E REGRESSÃO LOGÍSTICA.....	35
4.2 OBTENÇÃO DOS RESULTADOS	40
4.2.1 UTILIZANDO OS DADOS ORIGINAIS	40
4.2.1.1 RESULTADOS DAS RNAs	41
4.2.1.2 RESULTADOS DA REGRESSÃO LOGÍSTICA	42
4.2.2 DADOS CODIFICADOS	44
4.2.1.3 RESULTADOS DAS RNAs	44
4.2.1.4 RESULTADOS DA REGRESSÃO LOGÍSTICA	46

4.3	COMPARAÇÃO DOS RESULTADOS	48
CAPÍTULO V		49
5	CONCLUSÕES E SUGESTÕES PARA TRABALHOS FUTUROS	49
REFERÊNCIAS		52
ANEXOS		55

LISTA DE QUADROS

QUADRO 2.1 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL IDADE MATERNA	10
QUADRO 2.2 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL HCG	10
QUADRO 2.3 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL TN	10
QUADRO 2.4 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL PAPP-A.....	11
QUADRO 2.5 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL DE SAÍDA	11
QUADRO 3.1 FUNÇÕES DE ATIVAÇÃO.....	24
QUADRO 3.2 ALGUNS MODELOS DE REGRESSÃO.....	32
QUADRO 4.1 CONJUNTOS DE TREINAMENTO E TESTE.....	35
QUADRO 4.2 RESULTADOS DA REDE EM <i>VISUAL BASIC</i> COM 10 NEURÔNIOS (PARA DADOS CODIFICADOS)	38
QUADRO 4.3 DESEMPENHO DA RNA DA FIGURA 4.8 PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (<i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>)	41
QUADRO 4.4 DESEMPENHO DA RNA DA FIGURA 4.8 PARA O CONJUNTO DE TESTE (<i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>)	41
QUADRO 4.5 DESEMPENHO DE PREDIÇÃO (ACERTOS EM %)... ..	43
QUADRO 4.6 DESEMPENHO DA REGRESSÃO LOGÍSTICA PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (<i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>)	44
QUADRO 4.7 DESEMPENHO DA REGRESSÃO LOGÍSTICA PARA O CONJUNTO DE TESTE (<i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>).....	44
QUADRO 4.8 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (<i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>)	44
QUADRO 4.9 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TESTES (<i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>)	45
QUADRO 4.10 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (<i>SOFTWARE VISUAL BASIC</i>)	45
QUADRO 4.11 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TESTES (<i>SOFTWARE VISUAL BASIC</i>)	45
QUADRO 4.12 DESEMPENHO DA RL PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (<i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>)	46
QUADRO 4.13 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TESTES (<i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>)	46
QUADRO 4.14 DESEMPENHO DE PREDIÇÃO (ACERTOS EM %)... ..	47
QUADRO 4.15 COMPARAÇÃO ENTRE OS RESULTADOS (ACERTOS EM %)..	48
QUADRO 5.1 RESUMO DOS PROCEDIMENTOS EXECUTADOS	49

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1.1 CARIÓTIPO FETAL - TRISSOMIA 21	2
FIGURA 1.2 MÉTODOS INVASIVOS(AMNIOCENTESE, BIÓPSIA DE VILO E CORDOCENTESE)	3
FIGURA 1.3 REPORTAGEM DA GAZETA	6
FIGURA 2.1 RISCO DE SD EM RELAÇÃO A IDADE MATERNA	9
FIGURA 3.1 NEURÔNIO FORMAL CRIADO POR McCULLOCH E PITTS	15
FIGURA 3.2 TOPOLOGIA PROPOSTA POR ROSEMBLATT	16
FIGURA 3.3 REDES ADALINE E MADALINE DE WINDROW E HOFF	16
FIGURA 3.4 PADRÕES SEPARÁVEIS LINEARMENTE	17
FIGURA 3.5 PADRÕES NÃO SEPARÁVEIS LINEARMENTE	17
FIGURA 3.6 NEURÔNIO BIOLÓGICO	19
FIGURA 3.7 NEURÔNIO ARTIFICIAL	20
FIGURA 3.8 DIAGRAMA DE FUNCIONAMENTO DE UM NEURÔNIO ARTIFICIAL	21
FIGURA 3.9 ESTRUTURAS DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS	21
FIGURA 3.10 FUNÇÕES DE ATIVAÇÃO DE UMA REDE NEURAL	23
FIGURA 3.11 FLUXOGRAMA DO ALGORITMO GENÉRICO DE UM TREINAMENTO SUPERVISIONADO	25
FIGURA 3.12 PROPAGAÇÃO <i>FORWARD</i>	27
FIGURA 3.13 PROPAGAÇÃO <i>BACKWARD</i>	27
FIGURA 3.15 EXEMPLO 2 DE LINHA DE REGRESSÃO (POLINOMIAL)	32
FIGURA 3.16 FORMA DA RELAÇÃO LOGÍSTICA ENTRE VARIÁVEIS DEPENDENTE E INDEPENDENTE – CURVA SIGMÓIDE	33
FIGURA 4.1 DADOS ORIGINAIS – <i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>	36
FIGURA 4.2 DADOS CODIFICADOS – <i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>	36
FIGURA 4.3 DADOS ORIGINAIS – ARQUIVO TEXTO	37
FIGURA 4.4 DADOS CODIFICADOS – ARQUIVO TEXTO	37
FIGURA 4.5 VARIAÇÃO DO ERRO COM O NÚMERO DE ITERAÇÕES (RN com 5 neurônios na camada oculta)	39
FIGURA 4.6 VARIAÇÃO DO ERRO COM O NÚMERO DE ITERAÇÕES (RN com 20 neurônios na camada oculta)	39
FIGURA 4.7 CRITÉRIO DE PARADA DE ACORDO COM O ÉPSILON	40
FIGURA 4.8 REDE NEURAL GERADA PELO <i>SOFTWARE STATGRAPHICS</i>	41
FIGURA 4.9 DEFINIÇÃO DA LINHA DE CORTE	43
FIGURA 4.10 LINHA DE CORTE	47

RESUMO

Nos dias de hoje é muito comum mulheres terem filhos com idade mais avançada e, este fato, pode fazer com que ocorra um número muito superior de crianças com doenças genéticas cromossômicas. Muitas mulheres, já grávidas, procuram acompanhamento genético para tentar prever certas doenças. Porém, alguns diagnósticos, como o da Síndrome de Down (SD), só são totalmente confirmados através de métodos invasivos, ou seja, através de punções que podem gerar abortos espontâneos. Existem métodos não-invasivos, como é o caso da avaliação bioquímica de risco fetal (ABRF), que faz um rastreamento de risco. Este método utiliza alguns índices de proteínas retiradas com um simples exame de sangue materno, para calcular se o risco do feto ter a doença é superior ou inferior ao risco de aborto, provocado por um exame invasivo. O presente trabalho tem por objetivo aplicar as técnicas de Redes Neurais Artificiais (RNAs) e de Regressão Logística (RL), buscando verificar se são capazes de classificar corretamente os padrões apresentados pela ABRF. Para tanto, foram coletados dados (padrões) de 450 mulheres que estiveram grávidas, das quais 120 (resposta “1”) tiveram filhos com a SD e 330 tiveram filhos sem a SD (resposta “0”). Cada um destes padrões ficou constituído por quatro atributos: dosagem conjunta da fração β livre do hormônio gonadotrofina coriônica humana (HCG); Proteína Plasmática Associada à gravidez A (PAPP-A); Idade Materna (IM) e Translucência Nucal (TN). Para a aplicação das duas técnicas mencionadas (RNAs e RL), foram gerados dois conjuntos de dados (padrões), um conjunto para treinamento destas técnicas com 300 padrões (73 com resposta “1” e 227 com resposta “0”) e um conjunto para testes com as mesmas, com 150 padrões (47 com resposta “1” e 103 com resposta “0”). Foram utilizadas duas abordagens para a técnica de RNAs, sendo uma, a construção de uma rede através da programação em VISUAL BASIC e a outra, com a utilização do *software* STATGRAPHICS. Já para o processo de RL, foi utilizado o *software* STATGRAPHICS. Analisando os resultados apresentados, pode-se afirmar que as técnicas foram eficientes na classificação dos padrões, inclusive com desempenhos bastante semelhantes, atingindo elevado nível de acerto para os conjuntos de treinamento e teste.

ABSTRACT

Nowadays is very common for many women, for several reasons, to have children in an advanced age. Then, because of this fact, is usual the occurrence of a higher number of children with genetic disorders chromosome. Many women in pregnancy look for genetic monitoring, in order to provide for certain diseases. However, some diagnoses, such as Down syndrome (SD), are only totally confirmed through invasive methods, that is, a puncture that may cause miscarriages. There are non-invasive methods such as biochemical evaluation of fetal risk (ABRF), which is a screening of risk. This method uses some indices of protein removed with a simple maternal blood test to calculate the risk of the fetus has the disease is higher or lower than the risk of abortion, caused by an invasive examination. This study aims to apply the techniques of Artificial Neural Networks (RNA) and Logistic Regression (RL), trying to verify if are able to correctly classify the patterns produced by the ABRF. To this end, it was collected data (patterns) of 450 women who were pregnant, of whom 120 (response "1") had children with DS and 330 had children without DS (answer "0"). Each of these patterns was composed of four attributes: dosage joint free fraction β of the hormone human chorionic gonadotropin (HCG), Plasma Protein Associated with Pregnancy A (PAPP-A); Maternal Age (IM) and Nuchal translucency (NT). In applying the two above mentioned techniques (ANN and LR) were generated two sets of data (patterns), one set for training these techniques with 300 patterns (73 to answer "1" and 227 response with "0") and a set testing with the same, with 150 patterns (47 to answer "1" and 103 to answer "0"). It was used two approaches to the technique of RNA, one, building a network of programming in Visual Basic and the other, using the software STATGRAPHICS. For the case of logistic regression was used the STATGRAPHICS software. Analyzing the results presented, it can be said that the techniques were effective in the classification of patterns, even with very similar performance, achieving high level of accuracy for the training and test sets.

CAPÍTULO I

1 INTRODUÇÃO

Nos dias de hoje é muito comum mulheres terem filhos com idade mais avançada e, este fato, pode fazer com que ocorra um número muito superior de crianças com doenças genéticas cromossômicas.

Um dos tipos de doença genética cromossômica é a trissomia, que consiste na presença de três (e não dois, como seria normal) cromossomos de um tipo específico num organismo humano.

Embora a trissomia possa ocorrer com qualquer cromossomo, os tipos mais comuns, em humanos, são:

- Trissomia 21 (Síndrome de Down);
- Trissomia 18 (Síndrome de Edward);
- Trissomia 13 (Síndrome de Patau);
- Trissomia 8 (Síndrome de Warkany).

A Síndrome de Down (SD), identificada em 1866 por John Langdon Down, é uma doença genética, causada por um acidente que pode ocorrer no óvulo, no espermatozóide ou, ainda, após a união dos dois, provocando uma alteração cromossômica. Essa alteração leva à produção exagerada de proteínas, o que acaba por desregular a química do organismo provocando sérios problemas.

A SD apresenta como fenótipo, sinais como: obesidade, prega palmar única, ausência da falange média do quinto dedo dos membros superiores, cardiopatias, problemas pulmonares, epicanto, macroglossia e retardo do desenvolvimento neuropsicomotor e cognitivo, conforme BUNDUKI *et. al* (2002).

Como não existem curas ou tratamentos para estas alterações cromossômicas, devem ser criadas situações ou rotinas que possibilitem ao portador da doença realizar atividades básicas para sua sobrevivência.

Percebe-se que pessoas portadoras da SD, apesar de limitadas, podem compreender o mundo em que vivem e podem realizar a maioria das atividades que pessoas sem a doença realizam. Quanto antes for detectada a alteração cromossômica, mais tempo a família tem para se adaptar à realidade do portador da doença.

Tendo em vista essas informações, muitas mulheres procuram um especialista para saber quais são as chances de ter uma gravidez com risco do feto ter a SD. Para se descobrir se um feto possui ou não algum tipo de doença cromossômica, podem ser realizados vários tipos de exames, sendo eles classificados como: invasivos ou não-invasivos.

Através de métodos invasivos pode-se gerar mapas cromossômicos (cariótipo fetal) que revelam, com certeza, a ausência ou não de trissomias. A Figura 1.1 apresenta uma ilustração de um cariótipo fetal com trissomia 21.

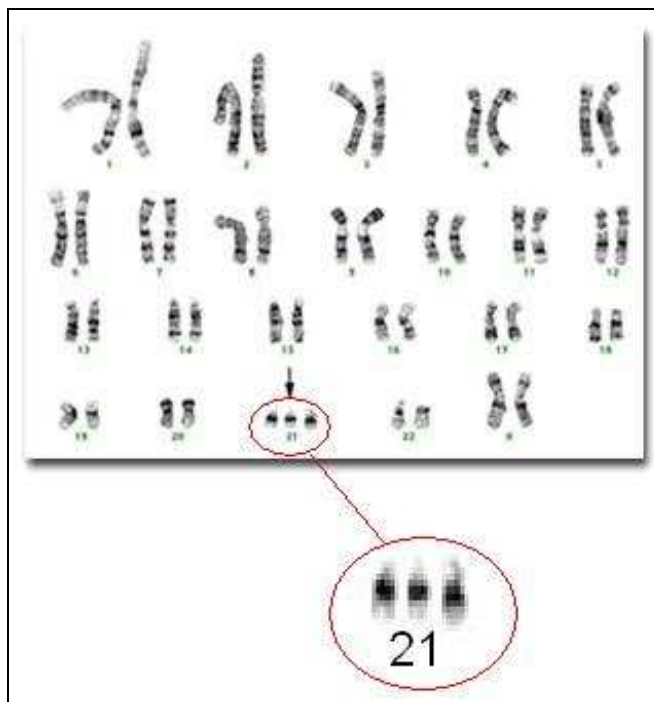


FIGURA 1.1 CARIÓTIPO FETAL - TRISSOMIA 21

Segundo SIMPSON (2005), na década de 70, a toda mulher gestante acima de 35 anos que procurasse o acompanhamento pré-natal, eram ofertados exames invasivos como amniocentese (punção do líquido amniótico) ou biópsia de vilo (punção das vilosidades coriônicas), sendo que apenas de 2,5 a 3% destas tinham um feto com trissomia do cromossomo 21 (SD).

A cordocentese é outro método invasivo, onde é retirado através de punção, sangue da veia do cordão umbilical.

Todos os métodos invasivos trazem riscos de aborto. A Figura 1.2 apresenta o local das punções e os riscos de aborto para cada método.

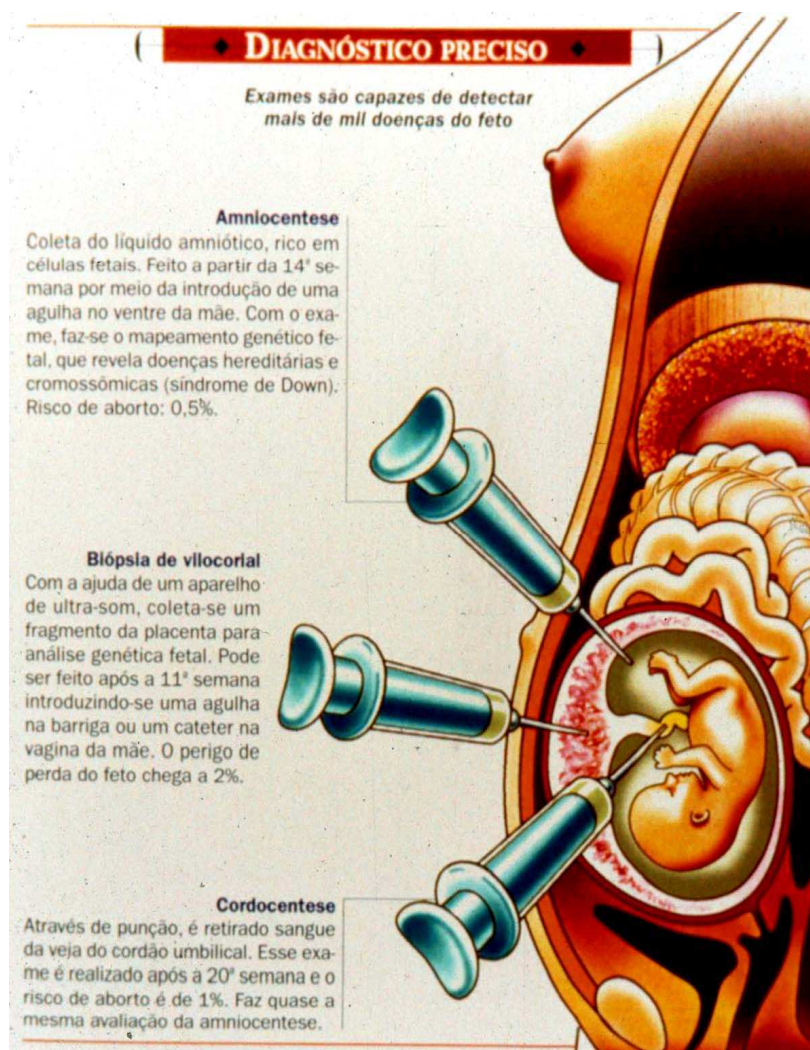


FIGURA 1.2 MÉTODOS INVASIVOS(AMNIOCENTESE, BIÓPSIA DE VILO E CORDOCENTESE)

FONTE: RASKIN (2006)

Segundo PUPO FILHO (2000), uma combinação de exame de sangue com ultrasonografia pode ser capaz de diagnosticar a SD no feto durante o primeiro trimestre de gravidez mas, geralmente, os exames que detectam a doença são feitos no segundo trimestre.

O estudo, desenvolvido nos *NTD Laboratories*, em Nova York, foi feito com dez mil mulheres. Quando apenas os exames de sangue foram utilizados, os cientistas só conseguiram identificar 63% dos fetos anormais. No caso da ultra-sonografia utilizada de forma isolada, foram detectados 74% dos casos. Já quando os dois exames foram feitos em conjunto, os cientistas conseguiram detectar 91% dos casos de SD. Os resultados dos testes foram, inclusive, melhores do que a média encontrada nos exames feitos no segundo trimestre de gravidez, que variavam de 76% a 89%.

Existem métodos não-invasivos capazes de fazer um rastreamento de risco para auxiliar no diagnóstico da SD, sem riscos de aborto. Existe um método não-invasivo chamado Avaliação Bioquímica de Risco Fetal (ABRF) que consiste em analisar fetos com possíveis anormalidades cromossômicas. Essa análise passa por identificar certos marcadores bioquímicos e analisá-los de forma a se obter um índice. Este índice mostra se o risco do feto ter a SD é maior ou menor que o risco de se realizar alguns dos métodos invasivos citados anteriormente.

No primeiro trimestre, os melhores marcadores bioquímicos são a dosagem conjunta da fração β livre do hormônio gonadotrofina coriônica humana (HCG) e da Proteína Plasmática Associada à gravidez A (PAPP-A), segundo HADDOW *et al.* (1998). Quando possível, estes marcadores são combinados com a medida da translucência nuchal (TN) e a idade materna (IM), atingindo uma elevada taxa de sensibilidade para detecção de fetos com SD (90%), SOERGEL *et al.* (2006).

Para auxiliar no diagnóstico da possibilidade de uma criança nascer com SD, este presente trabalho busca aplicar os dados bioquímicos anteriormente citados, juntamente com a idade materna e a medida da TN, às duas técnicas de Reconhecimento de Padrões utilizadas para a classificação de padrões: Redes Neurais Artificiais (RNAs) e Regressão Logística (RL). O objetivo é que, tanto a técnica de RNAs, quanto a de RL possam, após treinadas e testadas, identificar, com a máxima precisão, o alto ou baixo

risco do feto ser portador da doença, evitando a utilização dos métodos invasivos. Deve-se levar em consideração que, se for o caso, ainda se faz necessária a utilização de métodos invasivos como a amniocentese (risco de 0,5% de aborto) e a biópsia de vilocorial (risco de 1% de aborto, podendo chegar a 2%) para se chegar a uma análise conclusiva e satisfatória sobre o feto.

É importante salientar que tanto o método ABRF como a simulação através das RNAs e do método estatístico de RL, não são diagnósticos, mas sim, rastreamentos de risco que podem auxiliar o profissional geneticista.

1.1 OBJETIVOS DO TRABALHO

O objetivo principal deste trabalho é verificar se as técnicas de Reconhecimento de Padrões, RNAs e RL, são capazes de classificar de modo satisfatório o risco de um feto ser portador SD, com base nos dados da Avaliação Bioquímica de Risco Fetal (ABRF).

O trabalho faz a comparação entre os resultados obtidos através da utilização de cada uma das técnicas mencionadas, para verificar qual oferece melhor porcentagem de acertos, ou seja, qual apresenta um melhor desempenho para a identificação da referida síndrome.

1.2 JUSTIFICATIVA PARA O DESENVOLVIMENTO DO TRABALHO

Dentre os muitos estudos sobre a SD, alguns pesquisadores trabalham com o intuito de encontrar os “motivos” que levam a esta doença; outros estudam formas de melhorar a qualidade de vida dos portadores da síndrome e outros, ainda, estudam métodos para avaliar a probabilidade de um feto ter ou não a SD, que é onde este trabalho se enquadra.

A Figura 1.3, a seguir, mostra o texto retirado da Gazeta do Povo, onde uma equipe de médicos espanhóis desenvolveu um *software* que permite detectar se um feto

tem ou não a SD (com confiabilidade de 90%), e outras doenças relacionadas à trissomia, no primeiro trimestre de gravidez.

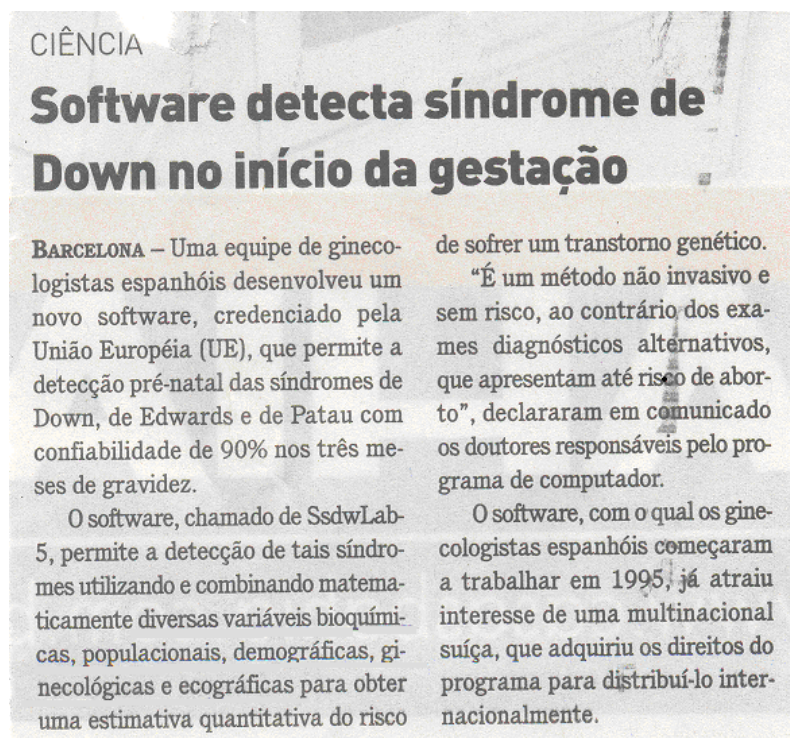


FIGURA 1.3 REPORTAGEM DA GAZETA

FONTE: GAZETA DO POVO (2007)

A justificativa maior deste estudo é verificar se as técnicas de RNAs e/ou RL são capazes de classificar corretamente os padrões encontrados na ABRF, para que futuramente possa-se também criar um *software* capaz de identificar a SD no primeiro trimestre de gravidez.

1.3 ESTRUTURA DO TRABALHO

O presente trabalho está dividido em cinco capítulos.

Este primeiro capítulo faz a introdução ao trabalho, relatando importantes informações sobre a SD, sobre métodos de diagnósticos e métodos que fazem

rastreamento do risco de um feto ser portador da SD. Traz, também, a descrição dos objetivos e a justificativa do estudo.

O Capítulo II descreve o problema a ser resolvido, a forma de obtenção dos dados e como os estes foram codificados para que se tenha outras possibilidades de treinamento e testes das técnicas de classificação de padrões objetivando, sempre, a melhoria em seus desempenhos.

No Capítulo III encontram-se históricos, conceitos, componentes e características das técnicas abordadas, RNAs e RL, além de trabalhos relacionados a estas técnicas .

O Capítulo IV descreve a aplicação das técnicas utilizadas, além de apresentar os resultados obtidos, bem como a análise dos mesmos.

No último capítulo, Capítulo V, são apresentadas as conclusões obtidas da análise dos resultados e sugestões para a realização de trabalhos futuros.

CAPÍTULO II

2 DESCRIÇÃO DO PROBLEMA

2.1 INTRODUÇÃO

O problema em questão é a utilização das técnicas de RNAs e de RL para a classificação de dois grupos de indivíduos relacionados à SD. Os dados necessários para o treinamento e teste foram obtidos de ABRF's.

2.2 OBTENÇÃO DOS DADOS

Inicialmente, foram realizadas reuniões com especialista da área de genética (Jenifer Sionara Góes da Silva, aluna do Mestrado do Programa de Pós-Graduação em Ciências da Saúde da PUC-PR) para esclarecimentos sobre a SD e sobre os dados relevantes a serem utilizados como entrada para o treinamento das RNAs e da RL.

Ficou definido que seriam utilizados alguns dados provenientes de consultas realizadas por uma empresa especializada em genética da cidade de Curitiba. Nos Anexos I e II deste trabalho são apresentados os modelos das fichas de avaliação bioquímica do risco fetal e demais dados de duas pacientes, para o primeiro trimestre de gestação. O Anexo I mostra um caso onde o risco do feto ter a SD é inferior ao risco de realizar os procedimentos invasivos; já o Anexo II relata um caso onde o risco de existir a síndrome no feto é superior ao risco dos procedimentos invasivos.

Foram analisados um total de 450 casos (pacientes grávidas; padrões) referentes aos anos entre 2003 e 2007, das quais 120 tiveram filhos com a SD e 330 tiveram filhos sem a SD. Através das fichas de avaliação bioquímica de risco fetal (Anexos I e II) foram extraídos os quatro dados necessários (atributos) de cada avaliação para determinar o índice de risco, criando uma matriz de dados destinada ao treinamento e ao teste da RNA. Os quatro dados extraídos são:

- Idade Materna (IM);

- Translucência Nucal do Feto (TN);
- Fração β livre do Hormônio Gonadotrofina Coriônica Humana (HCG) e
- Proteína Plasmática Associada à gravidez A (PAPP-A).

2.3 SOBRE OS ATRIBUTOS

Segundo CASALS *et al.*(1999), na proteína gonadotrofina coriônica humana (HCG), onde a mediana é 1,0 MoM (múltiplos da mediana), os níveis em casos de fetos com SD são altos com uma mediana de 1,63 MoM. Valores acima de 1,63 são considerados preocupantes em relação à síndrome.

Estudos realizados nos anos 90 mostraram que a PAPP-A apresentou, em gestações de fetos anormais, dosagens significativamente baixas, segundo BERSINGER *et al.* (1999). Ainda de acordo com os relatos destes mesmos autores, o valor da mediana de PAPP-A é de 0,43 entre 8-14 semanas de gestação. Os valores abaixo de 0,43 são considerados muito significativos para prever se o feto terá a doença.

Em 1992, NICOLAIDES *et al.* cunharam o termo “Translucência Nucal” (TN) e avaliaram gestantes de 10 a 14 semanas gestacionais, considerando a TN anormal acima de 3 mm; o método demonstrou 67% para casos de SD.

A idade materna (IM) é outro fator preocupante em relação à SD. A Figura 2.1, a seguir, mostra os riscos aproximados de nascimento da criança com SD em relação à IM.

Risco aproximado de nascimento da criança com Síndrome de Down no caso de mães de diversas idades, que nunca tiveram uma criança com esta Síndrome		Risco aproximado de nascimento da criança com Síndrome de Down no caso de mães de diversas idades, que já tiveram uma criança com esta Síndrome	
Idade da mãe ao nascer a criança:	Risco de nascer criança com Síndrome de Down	Idade da mãe ao nascer a criança:	Risco de nascer criança com Síndrome de Down
menos de 35 anos	0,1%	menos de 35 anos	1,0%
de 35 a 39 anos	0,5%	de 35 a 39 anos	1,5%
de 40 a 44 anos	1,5%	de 40 a 44 anos	2,5%
acima de 45 anos	3,5%	acima de 45 anos	4,5%

FIGURA 2.1 RISCO DE SD EM RELAÇÃO A IDADE MATERNA

FONTE: APAE Araraquara

A partir destas informações, os dados foram codificados objetivando a utilização das técnicas matemáticas.

2.4 CODIFICAÇÃO DOS ATRIBUTOS

O atributo IM foi dividido em faixas etárias, conforme orientação da especialista. A paciente gestante com idade até 20 anos recebe o valor “1”; entre 20 e 30 (inclusive) recebe valor “2”; entre 30 e 40 (inclusive) recebe valor “3” e acima de 40 anos a paciente recebe o valor “4”. O Quadro 2.1 mostra os valores.

Variável IM (Anos)	Codificação
Até 20	1
20 a 30 (inclusive)	2
30 a 40 (inclusive)	3
Acima de 40	4

QUADRO 2.1 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL IDADE MATERNA

A variável Fração β livre do HCG recebeu o valor “0” para valores abaixo de 1,63 MoM e o valor “1” para os valores acima ou iguais a 1,63 MoM, como mostra o Quadro 2.2.

Variável HCG (MoM)	Codificação
Abaixo de 1,63	0
1,63 ou maior	1

QUADRO 2.2 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL HCG

Com relação a TN, os valores são limitados pela marca de 3 mm, assumindo o valor “0”, se for inferior a 3mm e “1”, se o valor for igual ou superior a 3 mm. O Quadro 2.3 apresenta a codificação para esta variável.

Variável TN (mm)	Codificação
Abaixo de 3	0
3 ou superior	1

QUADRO 2.3 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL TN

O atributo PAPP-A recebe valor “0” para as marcas superiores a 0,43 MoM e recebe “1” para as marcas inferiores ou iguais a 0,43 MoM, como mostra o Quadro 2.4.

Variável PAPP-A(MoM)	Codificação
Acima de 0,43	0
0,43 ou inferior	1

QUADRO 2.4 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL PAPP-A

O quadro 2.5 mostra a codificação das saídas da rede neural para os casos em que o risco da criança ter a síndrome é inferior ou superior ao risco de se utilizar de métodos invasivos. O valor “0” foi atribuído ao risco inferior e o valor “1” foi atribuído ao risco ser superior ao risco de se utilizar um dos métodos invasivos.

Variável Saída	Codificação
Risco inferior	0
Risco superior	1

QUADRO 2.5 CODIFICAÇÃO DA VARIÁVEL DE SAÍDA

CAPÍTULO III

3 REFERENCIAL TEÓRICO

Neste capítulo são apresentados alguns trabalhos correlatos ao tema tratado e, além disso, são apresentadas as técnicas abordadas neste trabalho: RNAs e RL.

3.1 TRABALHOS CORRELATOS

Nesta seção são apresentados breves relatos sobre estudos e aplicações das técnicas de RNAs e de RL nas mais diversas linhas de pesquisa. Outras técnicas de Reconhecimento de Padrões também são citadas.

ALMEIDA e SIQUEIRA (1997) trabalharam com as duas técnicas de classificação de padrões citadas, RNAs e RL. Fizeram uma comparação entre os resultados obtidos na previsão de falência de bancos. Foram utilizados nove indicadores financeiros, descritos nos Manuais de Análise de Risco da Austin Asis, empresa brasileira de análise de risco bancário. O experimento foi realizado através da construção de 54 RNAs e 54 Regressões Logísticas. A técnica de RNAs (com 5 neurônios na camada intermediária e 2 na camada de saída), mostrou-se mais eficiente e teve um desempenho muito próximo à técnica de RL, com o diferencial de que conseguiu contemplar alguns bancos que a RL não pôde classificar por falta de dados.

MINUSSI *et al.* (2002) utilizaram a técnica de RL, com o intuito de avaliar os riscos de crédito. O trabalho apresenta 323 clientes (padrões) de uma instituição financeira como padrões de referência. Foram selecionados 49 indicadores financeiros (atributos) para a análise de solvência. Através da aplicação da técnica de RL, foi obtido o modelo econométrico de previsão de solvência, composto por cinco variáveis. A validação do modelo foi realizada por meio do método conhecido como *cross-validation*, ou seja, a subdivisão da amostra original: uma para o treinamento dos dados e conseqüente obtenção do modelo e outra para testar o modelo. A técnica se mostrou muito eficiente ao classificar corretamente 94,85% dos padrões analisados.

LEMOS (2003) utilizou RNAs e Árvores de Decisão para analisar o crédito bancário de pessoa jurídica, para uma agência bancária da cidade de Guarapuava, PR. Foram analisados 339 clientes (empresas jurídicas; padrões), sendo 266 já classificadas como adimplentes e 73 como inadimplentes. Foram 29 o número de atributos utilizados. As técnicas auxiliaram a tomada de decisão sobre conceder ou não crédito bancário a um novo cliente.

STEINER (1995) utilizou as técnicas de RNAs, RL, Árvores de Decisão, Função Discriminante Linear (FDL) de Fisher e Geração de uma Superfície que Minimiza Erros e Geração de uma Superfície Linear por Partes em dois problemas. O primeiro caso consistiu do diagnóstico médico, onde o objetivo era detectar se pacientes tinham câncer ou cálculo no duto biliar e, o segundo caso, da investigação da qualidade do papel durante o seu processo de fabricação, detectando bobinas de papel de boa qualidade ou de baixa qualidade.

Para o primeiro caso foram coletados 14 atributos de cada um dos 118 pacientes (35 com câncer e 83 com cálculo) e, para o segundo caso, 18 atributos de cada uma das 145 bobinas de papel (40 de boa qualidade e 105 de baixa qualidade). Para cada uma das duas aplicações, foram criadas duas matrizes, uma com os dados (padrões; pacientes ou bobinas) originais e outra com os dados transformados, onde dados atípicos foram descartados e alguns dos atributos foram transformados. O desempenho das técnicas de Reconhecimento de Padrões abordadas foi significativamente melhor para o segundo caso, para ambas as aplicações, mostrando que é muito importante tratar os dados antes de se aplicar as técnicas.

MENDES (2008) trabalhou com RNAs no diagnóstico preditivo dos tipos mais freqüentes de cefaléia. O sistema desenvolvido foi baseado em RNAs do tipo *Perceptron* multicamadas. Utilizou o *software* MATLAB 7.0 e o componente *Neural Network Toolbox* para implementação, treinamento e testes. Foram analisados 2.177 pacientes com diagnóstico de cefaléia, sendo que 307 pacientes tiveram o diagnóstico de enxaqueca sem aura, 1.252 pacientes tiveram cefaléia tensional, 99 pacientes com enxaqueca com aura, 100 pacientes com cefaléia por uso excessivo de medicamentos e 419 pacientes tiveram outros tipos de cefaléia. Para cada caso foram analisados 14 atributos, tais como idade, sexo, localização da dor, dentre outros.

PAVANELLI (2007) utilizou RNAs como apoio à tomada de decisões em relação à análise do tempo de duração de processos trabalhistas. Foram utilizados 10 atributos (objeto do processo, salário do reclamante, perícia, tempo de serviço, entre outras). Os atributos foram codificados e aplicados à rede, a qual se mostrou eficiente para resolver problemas desta ordem. Na sequência, os dados codificados foram aplicados à Análise de Componentes Principais (que está relacionada com a explicação da estrutura de covariância por meio de combinações lineares das variáveis originais do estudo e consiste numa transformação de eixos, tornando-as novas variáveis não-correlacionadas) e testados novamente.

BAPTISTELLA (2005) comparou as técnicas de Regressão Linear Múltipla e RNAs, para prever valores venais de imóveis urbanos da cidade de Guarapuava, Paraná. O primeiro experimento com as redes contava com 52 amostras, de três bairros de Guarapuava (chamado de setor 9), sendo que a rede que teve melhor desempenho foi a rede com oito neurônios na camada oculta e seis neurônios na camada de entrada. Já para o segundo experimento foram utilizados 79 amostras de outros quatro bairros de Guarapuava (setor 10), a rede que melhor desempenho teve contava com seis neurônios na camada intermediária e seis na camada de entrada. Para a técnica de Regressão Linear Múltipla foram executados três experimentos: o primeiro contava com seis variáveis (localização, estrutura, serviços urbanos, característica, área edificada e situação); o segundo experimento contava com cinco variáveis (esgoto, localização, conservação, situação e topografia) e estava relacionada ao setor 9; o terceiro contava com três variáveis (forma, área edificada e conservação) e trabalhou com os dados do setor 10. Ambas as técnicas, em seus experimentos, se mostraram eficientes, porém as RNAs mostraram melhor desempenho para o problema citado.

3.2 REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

3.2.1 BREVE HISTÓRICO

Relatos indicam que as primeiras pessoas que trabalharam com um modelo artificial de um neurônio biológico foram Warren McCulloch (médico e matemático) e Walter Pitts (matemático da Universidade de Illinois), em 1943. Eles sugeriram a

construção de uma máquina baseada no cérebro humano e descreveram um modelo simples de funcionamento de um neurônio artificial.

Fazendo uma analogia entre células nervosas e um processo eletrônico, no trabalho publicado sobre neurônios formais ou neurônios artificiais (“*A Logical Calculus of the Ideas Immanent in Nervous Activity*”), mostraram que uma coleção de neurônios formais era capaz de realizar alguns cálculos lógicos. A Figura 3.1 mostra o neurônio artificial projetado por McCulloch e Pitts.

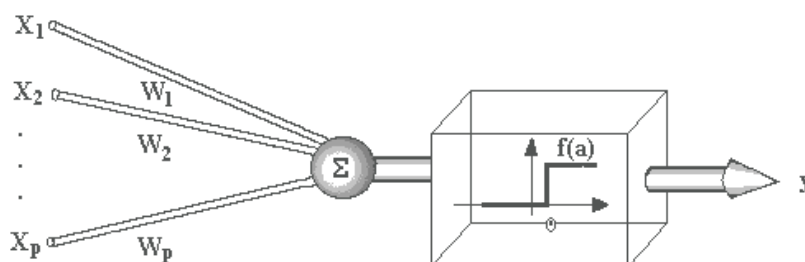


FIGURA 3.1 NEURÔNIO FORMAL CRIADO POR McCULLOCH E PITTS
 FONTE: DIN (2008)

Nesta Figura 3.1, os X 's representam os atributos iniciais (dados de entrada); os W 's representam os pesos, que farão os ajustes necessários ao serem multiplicados pelas suas respectivas entradas X 's e $f(a)$ representa a função de ativação utilizada.

Em 1949, Donald Hebb propôs uma lei de aprendizagem específica para sinapses dos neurônios em seu livro “*The Organization of Behavior*”. Sua teoria foi confirmada pela neurociência e influenciou muito nas ciências da computação. Ele traduziu matematicamente a sinapse dos neurônios biológicos.

No fim da década de 50, a partir das idéias desenvolvidas por McCulloch e Pitts, Frank Roseblatt criou um modelo de aprendizagem supervisionado que recebeu o nome de *perceptron*, sendo este o primeiro modelo de rede neural que acrescia sinapses aos nodos de McCulloch e Pitts. Nesse modelo, o neurônio artificial é capaz de aprender, segundo a idéia proposta por Hebb. Roseblatt descreveu uma topologia onde os neurônios eram organizados em camadas de entrada e saída conforme mostra a

Figura 3.2, a seguir, e os pesos das conexões eram atualizados fazendo com que a rede aprendesse algumas funções lógicas e fosse capaz de classificar alguns tipos de padrões.

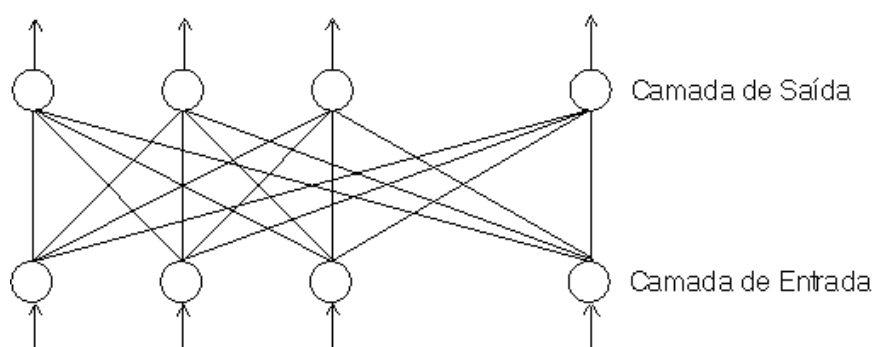


FIGURA 3.2 TOPOLOGIA PROPOSTA POR ROSEMBLATT
 FONTE: DIN (2008)

Nos anos 60, mais precisamente em 1962, Windrow e Hoff desenvolveram as redes *ADALINE* (*ADaptive Linear NEtwork*) e o *MADALINE* (*MAAny ADALINE*) *perceptron*, que apresentam uma arquitetura de três camadas, conforme pode-se observar na Figura 3.3. O modelo era similar ao *perceptron*, porém foi introduzido o algoritmo da menor média quadrática.

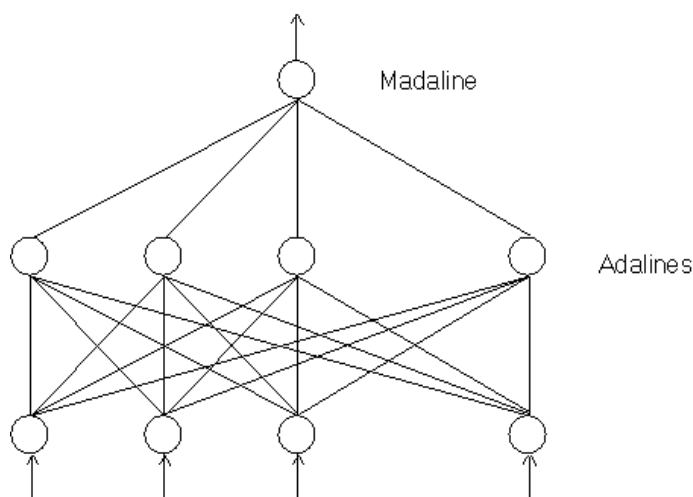


FIGURA 3.3 REDES ADALINE E MADALINE DE WINDROW E HOFF
 FONTE: DIN (2008)

Em 1969, Marvin Minsky e Seymour Papert publicaram um trabalho intitulado *Perceptrons* que demonstrava as limitações do modelo perceptron. Esse trabalho teve grande importância, de forma negativa, pois demonstrou que o modelo perceptron

resolvia apenas problemas separáveis linearmente, conforme pode-se observar na Figura 3.4. Depois desta publicação e sua repercussão no meio científico, as pesquisas sobre RNA ficaram abandonadas.

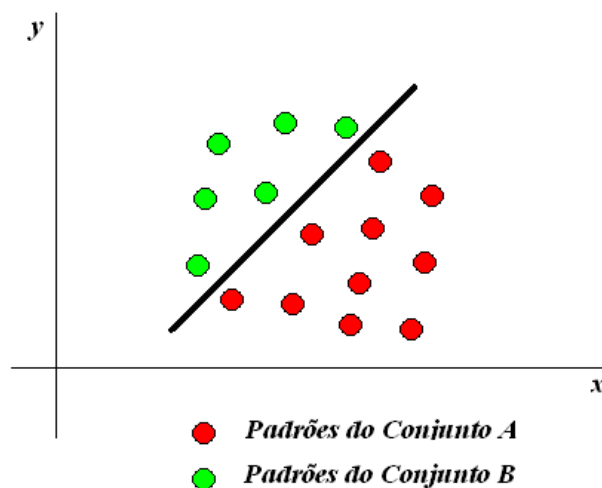


FIGURA 3.4 PADRÕES SEPARÁVEIS LINEARMENTE

Na Figura 3.5, pode-se observar que apenas uma reta não poderá separar os padrões. Para este modelo, o perceptron não traria resultados satisfatórios.

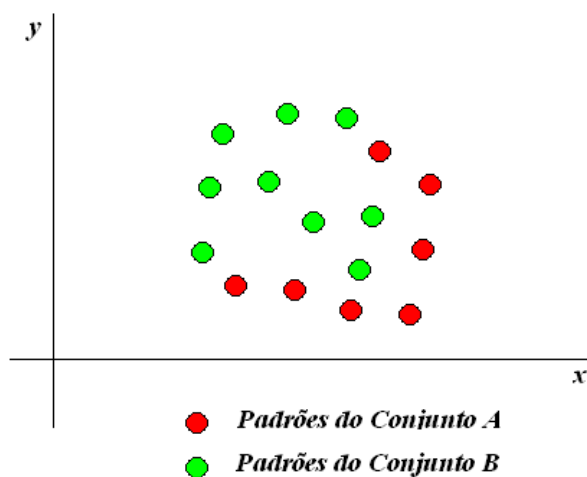


FIGURA 3.5 PADRÕES NÃO SEPARÁVEIS LINEARMENTE

No começo dos anos 80, John Hopfield, físico bastante conhecido, se propôs a trabalhar com a neuro-computação, escrevendo muitos artigos sobre o tema sendo que,

desta forma, ele influenciou e reaqueceu as pesquisas neste campo. Ele propôs a inserção de memórias associativas por uma rede recorrente.

Em 1986, surge o método *back-propagation* (retro-propagação), proposto por Rumelhart, Williams e Hinton. O método foi aliado aos *Perceptrons* multicamadas, fazendo com que redes mais complexas pudessem ser elaboradas. Este método é muito utilizado até os dias de hoje.

MENDES FILHO (1997) cita outros pesquisadores que realizaram, entre os anos 60 e 70, importantes trabalhos sobre modelos de redes neurais, sendo eles: Amari, Anderson, Cooper, Cowan, Fukushima, Grossberg, Kohonen, Von der Malsburg e Werbo.

3.2.2 NEURÔNIO ARTIFICIAL

O neurônio artificial é uma estrutura lógico-matemática que procura simular o comportamento e as funções de um neurônio biológico.

Segundo HAYKIN (2001), as RNAs foram inspiradas na estrutura do cérebro humano. Sabe-se que o cérebro é composto de um grande conjunto de neurônios altamente interconectados pelas sinapses. De forma análoga, as RNAs são compostas de elementos processadores com comportamento inspirado em um modelo simplificado do neurônio biológico, apresentando, deste modo, um número surpreendente de características humanas, tais como:

- aprendizado por experiência e apresentação de exemplos;
- generalização de novos exemplos a partir dos já apresentados;
- abstração;
- associação entre padrões diferentes.

A Figura 3.6, a seguir, mostra, sucintamente, as partes constituintes do neurônio biológico. Os dendritos, o corpo da célula e o axônio são as partes mais relevantes quando se quer fazer uma analogia entre o neurônio artificial e o biológico.

O corpo da célula ou soma, é responsável pelo processamento das informações recebidas através dos dendritos. Os dendritos são ramificações menores que ficam ligadas ao corpo da célula e ao axônio. São responsáveis pela entrada dos impulsos nervosos. O axônio é um prolongamento único e grande que é responsável pela saída das informações processadas caso exista a ativação da célula.

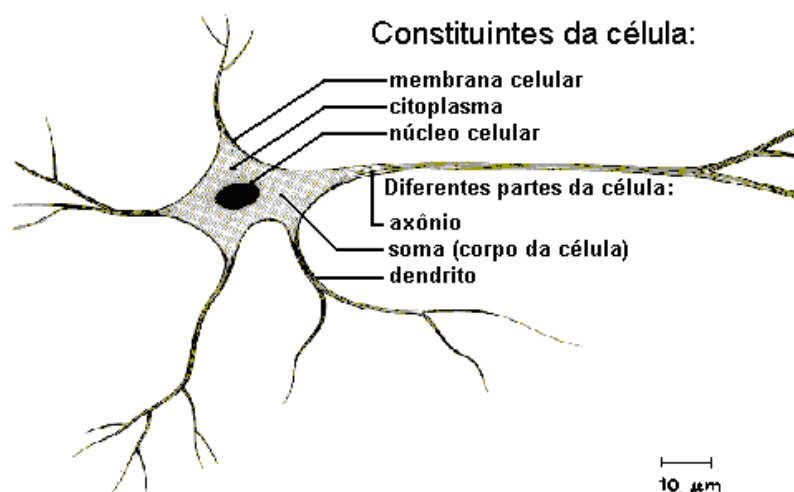


FIGURA 3.6 NEURÔNIO BIOLÓGICO
FONTE: DIN (2008)

Os dendritos ligam-se ao redor da célula a outras células e o axônio faz uma conexão mais longa. A estas conexões dá-se o nome de sinapses, segundo, MEDEIROS (2006). É através das sinapses que os estímulos nervosos se propagam. Cada neurônio, por ser ligado a vários outros, pode ser estimulado ou inibido através de suas sinapses.

Tem-se, assim, os elementos biológicos que poderão ser associados a um neurônio artificial. A Figura 3.7 mostra os elementos de um neurônio artificial.

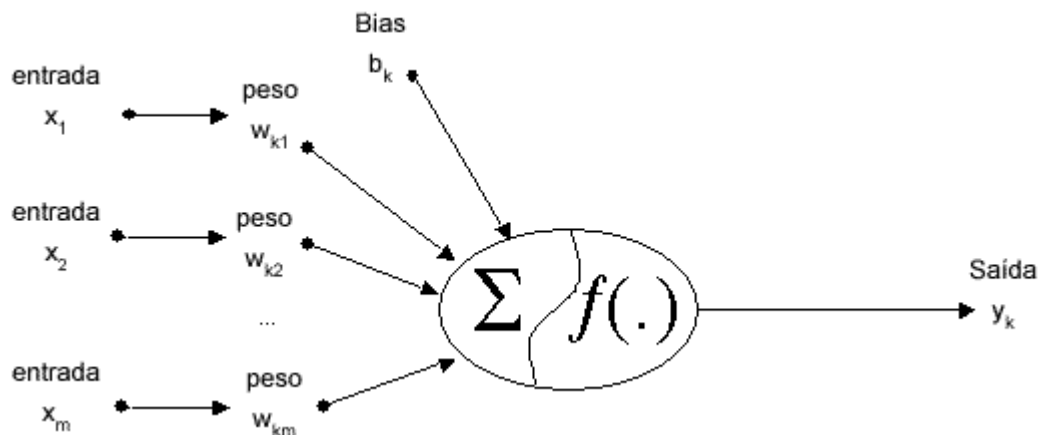


FIGURA 3.7 NEURÔNIO ARTIFICIAL

Nesta Figura 3.7, as entradas x_j ($j = 1, \dots, m$), comparáveis aos dendritos, são as informações que serão passadas ao corpo da célula. Essas informações sofrerão alterações de acordo com o peso w_{kj} ($k = 1$), já que o corpo da célula recebe o produto entre as entradas x_j e os pesos w_{kj} . Esses pesos vão sendo ajustados durante as iterações do algoritmo de aprendizado.

O corpo da célula (soma) é comparável ao centro de processamento do neurônio artificial. Este processamento é formado por uma função soma e por uma função de transferência. A função soma tem a finalidade de somar os sinais de entrada, ponderados pelos respectivos pesos (sinapses); é representado pela equação (3.1), a seguir. A função transferência tem por objetivo calcular a saída y_k do neurônio, obtida de acordo com a função de transferência utilizada. Ainda é inserido o *bias*, b_k , que é uma entrada adicional ao neurônio artificial, seu valor de entrada é fixo em “1” e seu peso é ajustável como os demais pesos da rede.

$$V_k = \sum_{j=1}^m x_j w_{kj} \quad (3.1)$$

A saída deste neurônio fará parte da resposta da rede, caso este se encontre na camada de saída ou será uma nova entrada para outro neurônio, caso se encontre nas camadas intermediárias.

Segundo PAVANELLI (2007), um neurônio artificial opera de acordo com o diagrama apresentado na Figura 3.8, a seguir.

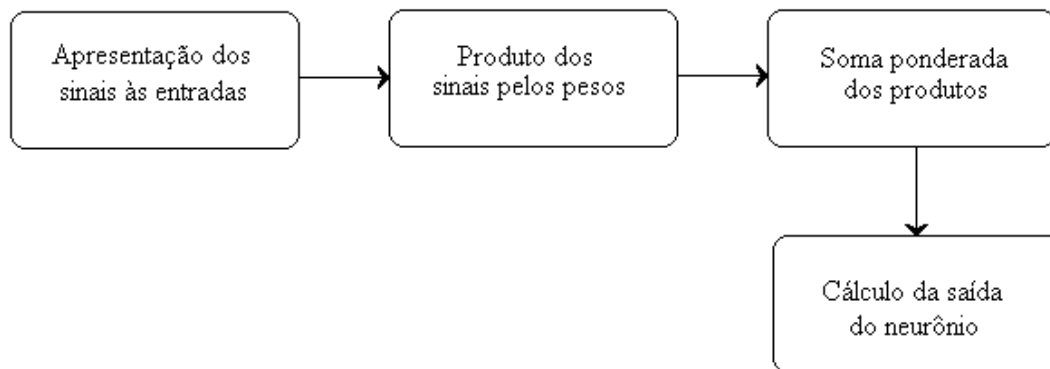


FIGURA 3.8 DIAGRAMA DE FUNCIONAMENTO DE UM NEURÔNIO ARTIFICIAL

FONTE: PAVANELLI (2007)

3.2.3 CARACTERÍSTICAS DE UMA REDE NEURAL ARTIFICIAL

Ao combinar vários neurônios artificiais, tem-se formada uma rede de neurônios artificiais, ou seja, o objeto de estudo, as RNAs. Existem inúmeras possibilidades de combinações de neurônios e, portanto, várias estruturas de redes neurais, contudo apenas algumas estruturas serão abordadas. Na Figura 3.9 pode-se observar algumas estruturas de RNAs.

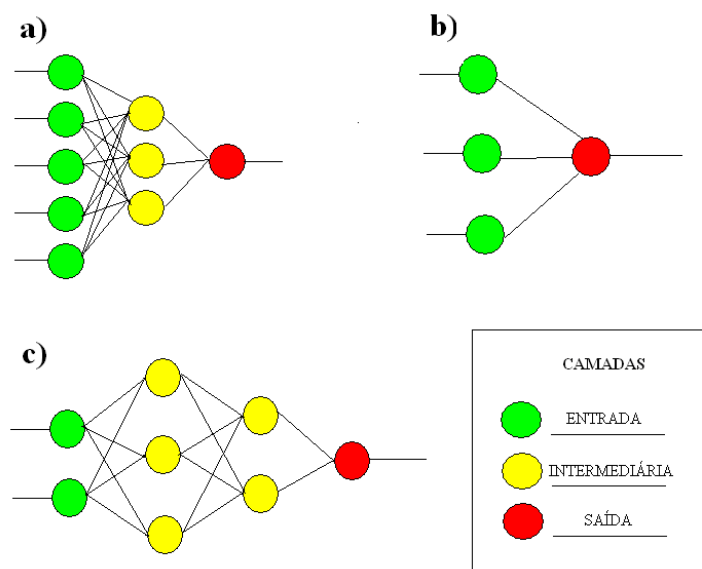


FIGURA 3.9 ESTRUTURAS DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

A estrutura *a* apresenta cinco entradas na rede, ou seja o problema proposto é constituído por cinco variáveis (atributos), três neurônios na camada oculta e uma saída. Esta saída pode assumir vários valores.

A estrutura *b* apresenta três entradas (atributos) para a rede e nenhum neurônio na camada intermediária (oculta). Apresenta também uma saída.

A estrutura *c* apresenta duas entradas na rede, duas camadas intermediárias, uma contendo três e a outra dois neurônios, e uma saída.

Geralmente, trabalha-se com três camadas. A primeira camada é a de entrada, a qual recebe os padrões que serão processados pelas camadas intermediárias, também chamadas de camadas ocultas. Nas camadas intermediárias ocorre a maior parte do processamento de uma RNA. Os dados são recebidos através das sinapses e depois de processados são enviados à camada de saída. A camada de saída é responsável pela apresentação do resultado obtido pelo processamento da rede neural artificial.

Segundo HAYKIN (2001), uma RNA é um processador paralelo e distribuído, constituído de unidades de processamento simples (neurônios), que têm a propensão natural para armazenar conhecimento experimental e torná-lo disponível para uso.

Os neurônios que compõem uma rede neural executam cálculos matemáticos que simulam o comportamento dos neurônios biológicos, fazendo com que essa rede possa “aprender” e se adaptar de acordo com a necessidade.

Para cada situação-problema uma estrutura de rede é modelada, dependendo da quantidade de entradas e saídas, e de quantos neurônios são necessários nas camadas ocultas, para que a rede tenha um aprendizado satisfatório. A quantidade de neurônios na camada oculta dependerá dos resultados dos testes, que apontarão a melhor configuração.

3.2.4 FUNÇÕES DE ATIVAÇÃO DE UMA REDE NEURAL ARTIFICIAL

É através da função de ativação que as respostas são geradas.

Segundo STEINER (2006), a função de ativação é muito importante para o comportamento de uma rede neural, porque é ela que define a saída do neurônio artificial e, portanto, o caminho pelo qual a informação é conduzida.

Já para PALMA NETO e NICOLETTI (2005), o comportamento de um neurônio é determinado pelas funções a ele associadas e pelas conexões por meio das quais recebe entradas e transmite saídas.

Percebe-se que a função de ativação é o “cérebro” de um neurônio artificial, pois a transformação dos dados de entrada na forma da saída desejada depende da função que se utiliza.

Existem várias funções de ativação, dentre as quais se destacam a função degrau, também conhecida como função passo, que gera uma saída binária; a função linear e a função sigmoidal, que é não linear.

A Figura 3.10, a seguir, mostra as representações gráficas destas funções de ativação.

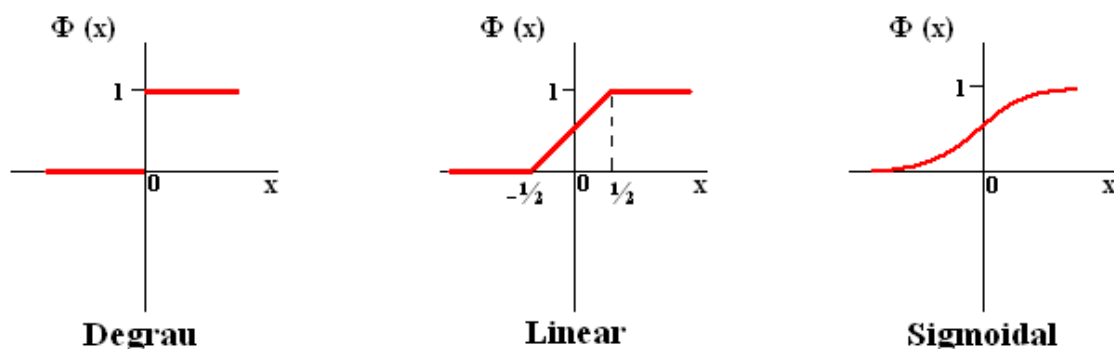


FIGURA 3.10 FUNÇÕES DE ATIVAÇÃO DE UMA REDE NEURAL
FONTE: HAYKIN (2001)

O Quadro 3.1 apresenta as funções de ativação mostradas na Figura 3.10 e suas respectivas equações matemáticas.

Degrau	Linear	Sigmoidal
$f(x) = \begin{cases} 1 & \text{se } x \geq 0 \\ 0 & \text{se } x < 0 \end{cases}$	$f(x) = \begin{cases} 1 & \text{se } x \geq \frac{1}{2} \\ x, & \text{se } \frac{1}{2} > x > -\frac{1}{2} \\ 0 & \text{se } x \leq -\frac{1}{2} \end{cases}$	Função Logística
		$f(x) = \frac{1}{(1 + e^{-ax})}$
		Função Tangente Hiperbólica
		$f(x) = \tanh(x)$

QUADRO 3.1 FUNÇÕES DE ATIVAÇÃO
FONTE: HAYKIN (2001)

3.2.5 TREINAMENTO DE UMA REDE NEURAL ARTIFICIAL

Em PAVANELLI (2007), treinar uma rede neural consiste em balancear os pesos das conexões entre seus neurônios de maneira que ela execute uma tarefa específica. Este treinamento é feito a partir dos atributos escolhidos para o problema, que geram os sinais a serem processados nos neurônios da rede, conduzindo-a ao aprendizado por experiência.

Segundo LEMOS (2003), uma boa escolha para os valores iniciais dos pesos da rede pode diminuir o tempo necessário para o treinamento. Com relação ao tempo de treinamento, vários fatores podem influenciar a sua duração, porém sempre será necessário utilizar algum critério de parada. Os critérios de parada do algoritmo *back-propagation*, podem ser definidos através das seguintes alternativas:

- se todos os padrões já tiverem sido classificados corretamente;
- se a diferença no erro quadrático entre duas iterações consecutivas for menor do que um épsilon (épsilon = 0,01, por exemplo);
- se um número máximo de ciclos ou iterações for alcançado.

O aprendizado da rede pode se dar de duas maneiras, uma é pelo treinamento supervisionado e a outra pelo treinamento não-supervisionado.

O treinamento supervisionado consiste em ajustar os pesos das conexões até que o erro quadrático encontrado pela rede seja satisfatório. Para este treinamento são apresentados à rede tanto as entradas como as respectivas saídas. A Figura 3.11 mostra um fluxograma do algoritmo genérico de um treinamento supervisionado.

O treinamento não-supervisionado é utilizado quando não se conhece o conjunto de saídas. Esse treinamento busca agrupar os dados de entrada a partir de algum critério de semelhança.

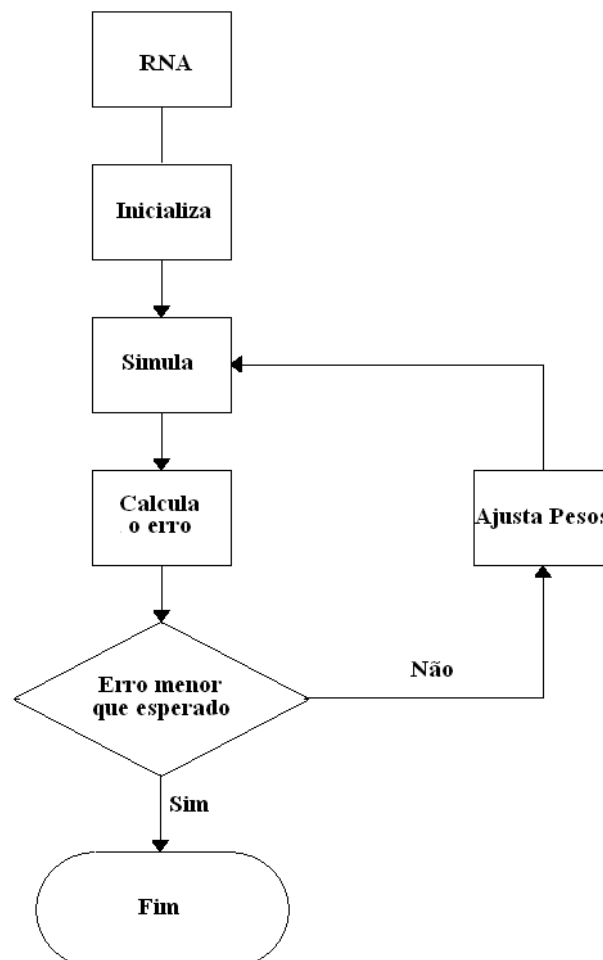


FIGURA 3.11 FLUXOGRAMA DO ALGORITMO GENÉRICO DE UM TREINAMENTO SUPERVISIONADO

FONTE: LIMA (2006)

3.2.6 FLUXO DE DADOS EM UMA REDE NEURAL ARTIFICIAL

Segundo MENDES (2008), a direção em que o fluxo de ativações acontece, caracteriza as RNAs em:

- *feedforward* (acíclica): as conexões não formam ciclos. São rápidas para fornecer resposta a uma entrada. O algoritmo *back-propagation* é um método numérico eficiente para o treinamento das redes *feedforward*.
- *feedback* (cíclica): as conexões podem formar ciclos a cada vez que uma entrada é apresentada à rede. Esta executa um processo iterativo antes de produzir a resposta.

3.2.7 ALGORITMO *BACK-PROPAGATION*

As redes *feedforward* podem ser treinadas com o algoritmo *back-propagation* (retropropagação) a fim de encontrar um erro mínimo. Porém, este erro mínimo pode ser um mínimo local e não um mínimo global, que é o esperado, então deve-se utilizar vários conjuntos de pesos iniciais, deve-se variar o número de neurônios na camada intermediária e, até mesmo, o número de camadas intermediárias, na intenção de encontrar um mínimo que seja aceitável para o problema determinado.

O algoritmo *back-propagation* consiste em duas fases: a primeira é chamada de propagação *forward* (para frente), a segunda denomina-se *backward* (para trás).

Na propagação *forward*, ilustrada na Figura 3.12, um padrão é apresentado à camada inicial e flui na direção da última camada, passando pelas camadas intermediárias. Ao chegar à última camada é gerada uma resposta que é comparada com a saída desejada para este padrão e calcula-se o erro quadrático.

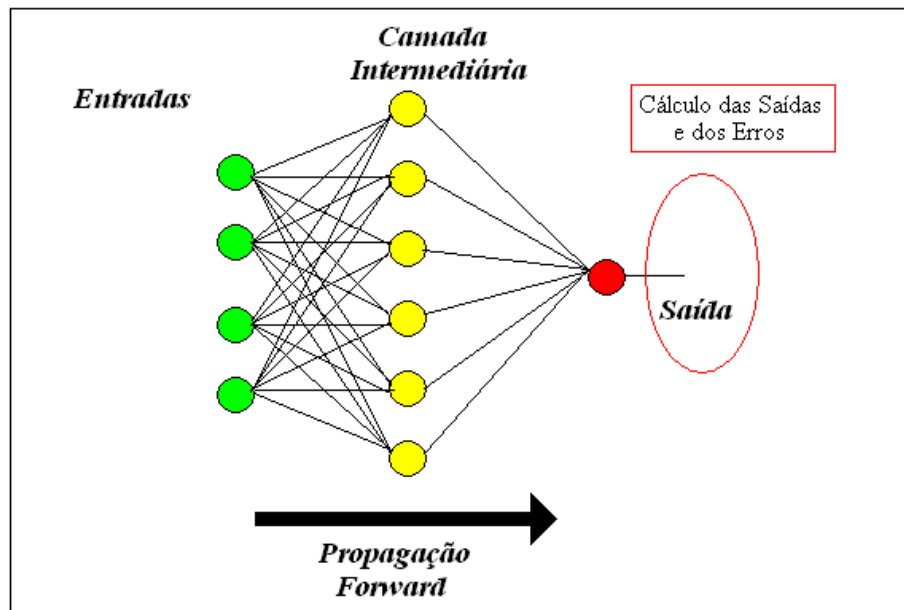


FIGURA 3.12 PROPAGAÇÃO FORWARD

Logo após o cálculo do erro quadrático começa a segunda etapa, propagação *backward*, onde segundo CARVALHO (2000), o erro é propagado a partir da camada de saída até a camada de entrada, e os pesos das conexões das unidades das camadas internas vão sendo modificados conforme o erro é retropropagado. A Figura 3.13 ilustra propagação *backward*.

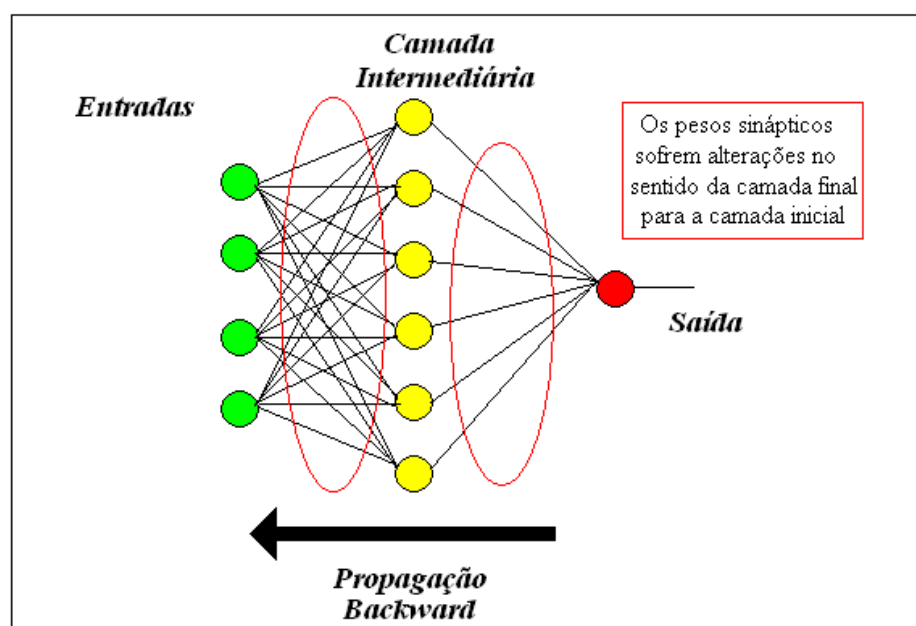


FIGURA 3.13 PROPAGAÇÃO BACKWARD

Todos os outros padrões são apresentados à rede analogamente ao descrito anteriormente e os erros vão sendo somados. Após todos os padrões serem apresentados à rede analisa-se o erro quadrático. Se este erro for nulo ou não-nulo, porém satisfatório encerra-se o treinamento, caso contrário os padrões são apresentados novamente à rede. Pode-se encerrar o treinamento da rede, caso perceba-se que o erro quadrático está estagnado de uma para outra iteração (o erro permanece constante).

3.2.8 FORMAS DE AVALIAÇÃO DE RNAs (Witten e Frank, 2000)

Nesta seção, que trata das formas de avaliação de RNAs, o nível de detalhamento é maior em relação as demais seções, pelo fato da mesma ser suprida na maior parte dos trabalhos pesquisados.

Para avaliar o desempenho de uma RN, assim como de qualquer outro método de Reconhecimento de Padrões precisa-se, primeiramente, saber como os diferentes métodos trabalham para, então, compará-los. Deve-se levar em conta que alguns problemas envolvem predição numérica, enquanto que outros envolvem predição nominal e, assim sendo, métodos diferentes são necessários em cada caso. Outro aspecto importante é que em muitas situações práticas deve-se levar em conta o custo de uma classificação errada, que depende do tipo de erro: o custo de classificar um exemplo positivo como negativo e vice-versa.

Para problemas de classificação, que é o caso das RNAs, é natural medir o desempenho do método em termos de taxa de erro (quantidade de sucessos e de erros). A taxa de erro obtida do conjunto de treinamento não é um bom indicador do desempenho futuro (taxa de erro para o conjunto de testes). A taxa de erro do conjunto de treinamento é chamada de erro de resubstituição, porque ela é calculada resubstituindo os padrões/exemplos de treinamento no classificador que foi construído a partir deles.

Muitas vezes tem-se três conjuntos de dados: *training data* (dados para treinamento), *validation data* (dados para validação) e *test data* (dados para teste). Os dados de treinamento são usados para obter o classificador; os dados de validação são usados para otimizar os parâmetros dos classificadores (por exemplo, até que ponto

treinar a RNA para que não haja um *overfitting*, ou seja, a “memorização” e não a aprendizagem); os dados de teste são usados para calcular a taxa de erro do classificador otimizado final. Cada um dos três conjuntos deve ser independente (devem ser diferentes).

A taxa de sucesso (ou taxa de erro) será proporcional ao tamanho da amostra, ou seja, quanto maior for o conjunto de treinamento (e consequentemente o conjunto de teste), maior será o grau de confiabilidade da taxa. Em estatística, uma sucessão de eventos que tanto sucedem ou falham é chamada de processo de Bernoulli. Se de 1.000 tentativas, 750 foram bem sucedidas, a taxa de acerto é de 75% e, neste caso, o grau de confiança de 95% está no intervalo [73,3; 76,8]; mas se de 100 tentativas, 75 foram bem sucedidas, a taxa de acerto é de 75% e, neste caso, o grau de confiança de 95% está no intervalo [70; 81].

3.2.8.1 FORMAS MAIS COMUNS PARA EXECUTAR A AVALIAÇÃO DE RNAs

As formas mais comuns para se fazer a avaliação de RNAs são apresentadas a seguir.

a) Procedimento *holdout* (mais utilizado para bases de dados grandes): quando uma certa quantidade de dados é separada para testes (em geral 1/3 dos dados) e a quantidade restante é utilizada para treinamento (em geral, 2/3 dos dados) e, se necessário, parte para validação. Precisa-se assegurar que a amostragem randômica é feita de tal forma que garanta que cada classe está propriamente representada em ambos os conjuntos (treinamento e de teste). Este procedimento é chamado de estratificação e desta forma tem-se, então, *holdout* estratificado. Pode-se repetir todo o processo, variando os conjuntos de treinamento e teste (mantendo as proporções – estratificado) e, neste caso, temos o método de estimação da taxa de erro com *holdout* estratificado repetido 10 vezes (por exemplo).

b) Uma variante simples do *holdout* forma a base de uma importante técnica estatística chamada *cross-validation* (mais utilizado para bases de dados pequenas). No *cross-validation*, decide-se por um número fixo de *folds* (partições dos dados), por

exemplo, 3 *folds*. Então os dados são divididos em aproximadamente 3 partições iguais, sendo que cada uma delas é usada para testar enquanto que o restante é usado para treinamento. Ou seja, usa-se $2/3$ para treinamento e $1/3$ para teste e repete-se o procedimento 3 vezes tal que, ao final, todo exemplo/padrão tenha sido usado exatamente uma vez para teste. Este procedimento é chamado *threefold cross-validation* e se a estratificação for adotada, tem-se o *threefold cross-validation* estratificado. Pode-se ter o *tenfold cross-validation* estratificado e assim por diante. A técnica de avaliação padrão em situações onde somente uma quantidade limitada de dados está disponível é *tenfold cross-validation* estratificado. Assim como tem-se o *holdout* repetido, pode-se ter o *tenfold cross-validation* estratificado repetido. Neste caso, o algoritmo de aprendizagem é chamado 100 vezes.

O procedimento *leave-one-out cross-validation* é simplesmente o *n-fold cross-validation*, onde n é o número de exemplos da base de dados. Este procedimento é atrativo por duas razões: 1) a maior quantidade possível de dados é usada para treinamento em cada caso que, presumidamente, aumenta a chance do classificador ser mais acurado; 2) o procedimento é determinístico, ou seja, não envolve amostragem randômica. O problema deste procedimento de avaliação é o alto custo computacional, pois ele deverá ser executado n vezes, o que o torna inviável para bases de dados grandes. Outra desvantagem deste procedimento é que a base não pode ser estratificada, pior do que isto, ele garante uma amostra não estratificada.

O procedimento *bootstrap* está baseado no procedimento estatístico de amostragem com substituição (em todos os procedimentos vistos até o momento, isto não era possível). A idéia do *bootstrap* é amostrar a base de dados com substituição para formar o conjunto de treinamento. Uma base de dados de n exemplos é amostrada n vezes, com substituição, para dar uma outra base de dados com n exemplos. Como alguns elementos na 2ª base de dados serão repetidos, haverá alguns exemplos da base de dados original que não terão sido escolhidos: estes serão usados como exemplos para teste.

A chance de um exemplo em particular não ser apanhado para o conjunto de treinamento é de 36,8% e, conseqüentemente, a chance dele ser apanhado será de 63,2%. Por isto que o procedimento *bootstrap* é muitas vezes chamado de procedimento

0,632 *bootstrap*. O procedimento *bootstrap* pode ser a melhor maneira de estimar erro para bases de dados muito pequenas.

Para a avaliação da RNA aplicada ao problema aqui estudado (SD), foi utilizado o procedimento *cross-validation* estratificado.

3.3 O PROBLEMA DA REGRESSÃO

Segundo COSTA NETO (2002), muitas vezes a posição dos pontos experimentais no diagrama de dispersão sugere a existência de uma relação funcional entre as duas variáveis. Surge então o problema de se determinar uma função que exprima esse relacionamento. Esse é o problema da *regressão*, conforme a denominação introduzida por Fisher e universalmente adotada.

Percebe-se nas Figuras 3.14 e 3.15, a seguir, pontos experimentais e, admitindo existir um relacionamento funcional entre os valores y e x , este relacionamento funcional recebe o nome de linha de regressão.

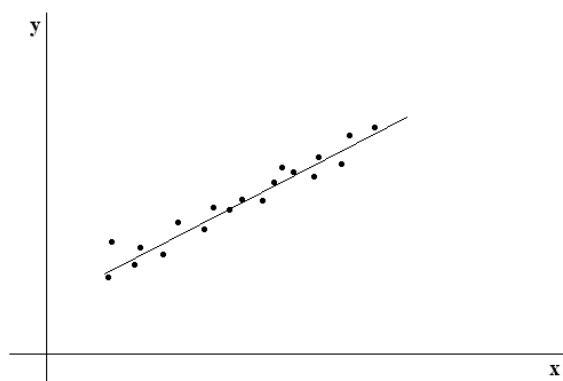


FIGURA 3.14 EXEMPLO 1 DE LINHA DE REGRESSÃO (LINEAR)

FONTE: Adaptada de COSTA NETO (2002)

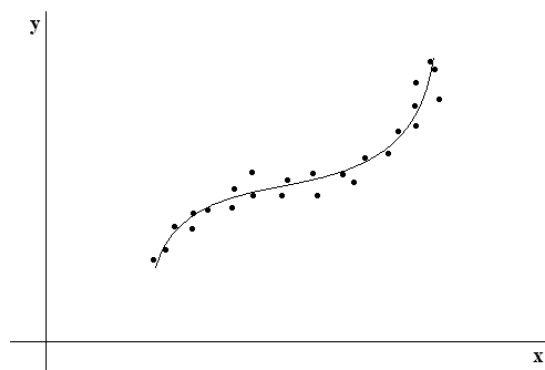


FIGURA 3.15 EXEMPLO 2 DE LINHA DE REGRESSÃO (POLINOMIAL)
 FONTE: COSTA NETO (2002)

Estas linhas de regressão podem ser retas, conhecidas por regressão linear simples, linhas polinomiais, denotadas por regressão polinomial. Pode-se ter, ainda, a regressão linear múltipla, onde a variável dependente está relacionada com mais de uma variável. Existem, também, outros modelos de regressão.

Para cada modelo de regressão existe uma função associada, e o que se pretende encontrar são os coeficientes de cada função. No Quadro 3.2, a seguir, são apresentados alguns modelos de regressão.

Linear Simples	Polinomial (grau 2)	Linear Múltipla
$y = \alpha + \beta x + \xi$ $\xi \sim \mu(0, \sigma^2)$	$y = \alpha + \beta x + \gamma x^2 + \xi$ $\xi \sim \mu(0, \sigma^2)$	$y = \alpha + \beta x_1 + \gamma x_2 + \xi$ $\xi \sim \mu(0, \sigma^2)$

QUADRO 3.2 ALGUNS MODELOS DE REGRESSÃO

Existem alguns modelos de regressão que são não lineares. Por exemplo:

$$y = \alpha e^{\beta x} + \xi \quad (3.2)$$

Porém, segundo BUSSAB E MORETTIN (2004), determinados modelos não lineares podem ser transformados em lineares, por meio de transformações de variáveis.

3.3.1 REGRESSÃO LOGÍSTICA

No modelo de RL, usam-se os valores de uma série de variáveis independentes para prever a ocorrência da variável dependente. Assim, todas as variáveis consideradas no modelo estão controladas entre si.

Segundo CHAVES NETO (2008), a RL, dentro da Análise Estatística, consiste em relacionar, através de um modelo, uma variável resposta Y , dicotômica, com os fatores $(X_1, X_2, \dots, X_{p-1})$ que influenciam as ocorrências de determinado evento.

Segundo PINTO (2009) para definir uma relação delimitada por “0” e “1”, a relação logística usa uma relação assumida entre as variáveis independentes e dependente que lembra uma curva em forma de “S”, que é a função logística. A Figura 3.16, mostra esta relação.

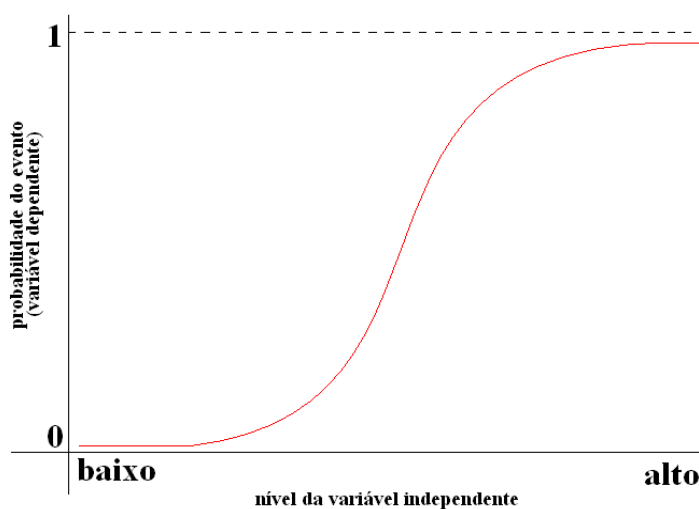


FIGURA 3.16 FORMA DA RELAÇÃO LOGÍSTICA ENTRE VARIÁVEIS DEPENDENTE E INDEPENDENTE – CURVA SIGMÓIDE
 FONTE: PINTO (2009)

Os modelos logísticos podem ser classificados em:

- a) Modelo Logístico Linear Simples

Na RL estima-se diretamente a probabilidade de um evento ocorrer. Para um preditor (x), a probabilidade de um evento pode ser escrito como:

$$Prob(evento) = \frac{1}{1 + e^{-(\beta_0 + \beta_1 x)}} \quad (3.3)$$

onde β_0 e β_1 são os coeficientes de regressão estimados e e é a base dos logaritmos naturais.

O modelo logístico linear simples é derivado da função matemática, chamada de sigmóide:

$$f(y) = \frac{1}{1 + e^{-y}} \quad , y \in \mathbb{R} \quad (3.4)$$

Multiplicando a parte superior e a inferior de $f(y)$ por e^y , têm-se o modelo a seguir:

$$f(y) = \frac{e^y}{e^y + 1} \quad (3.5)$$

que é o modelo logístico linear em outra forma.

b) Modelo Logístico Linear Múltiplo

O modelo logístico linear múltiplo decorre da existência de vários preditores (X_1, X_2, \dots, X_k), ou seja, a variável dependente estará associada a várias variáveis independentes.

A probabilidade de um evento pode ser escrito como:

$$Prob(evento) = \frac{1}{1 + e^{-y}} \quad (3.6)$$

tal que y é uma combinação linear: $y = \beta_0 + \beta_1 x_1 + \beta_2 x_2 + \dots + \beta_k x_k$

e os β_n , $n = 1, 2, \dots, k$ são os coeficientes de regressão estimados e e é a base dos logaritmos naturais.

CAPÍTULO IV

4 APLICAÇÃO DAS TÉCNICAS DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS E REGRESSÃO LOGÍSTICA E OBTENÇÃO DOS RESULTADOS

Neste capítulo é descrita a forma como foram aplicadas as técnicas de RNAs e de RL ao problema apresentado no Capítulo II. São, também, apresentados os resultados dos treinamentos e testes para as referidas técnicas, com os atributos codificados e não codificados, com as devidas comparação entre elas.

4.1 APLICAÇÃO DAS TÉCNICAS DE REDES NEURAIS ARTIFICIAIS E REGRESSÃO LOGÍSTICA

A aplicação da técnica de RNAs foi feita de duas formas: a primeira foi com a utilização do *software* computacional *STATGRAPHICS* e a outra, com a criação de uma rede, através da programação do algoritmo *back-propagation* e com a utilização do *software* *VISUAL BASIC*. Para a aplicação da RL optou-se pela utilização do *software* *STATGRAPHICS*.

Para cada técnica, foram utilizados dois conjuntos de dados: um conjunto para treinamento e outro conjunto para teste e, também, dois conjuntos de dados codificados, também separados em conjunto de treinamento e de teste.

Cada conjunto de treinamento (independentemente de ser original ou codificado) ficou constituído por 300 casos, onde 227 casos têm saída “0” (fetos sem SD) e 73 têm saída “1” (fetos com SD), enquanto os conjuntos de teste foram formados com 150 casos, sendo 103 casos com saídas “0” e 47 com saídas “1”. O Quadro 4.1 resume esta informação.

	Conjunto de Treinamento	Conjunto de Teste
SAÍDA	Casos	Casos
0	227	103
1	73	47
Total	300	150

QUADRO 4.1 CONJUNTOS DE TREINAMENTO E TESTE

Os dados utilizados *no software STATGRAPHICS* foram inseridos em tabelas do mesmo, com o formato conforme mostram as Figuras 4.1 e 4.2 (com parte dos dados), onde os dados são os originais e os codificados, respectivamente.

dados originais.sf6					
	IDADE	TN	BETA	PAPPA	SAÍDA
1	36	1,4	1,2	0,97	0
2	36	1,8	1,2	0,97	0
3	35	2	1,27	1,48	0
4	27	1,5	0,27	0,72	0
5	31	1,3	1,54	1,65	0
6	25	1,1	1,04	1,07	0
7	37	1,6	1,02	2,17	0
8	25	2,9	0,98	0,68	0
9	38	1,5	1,84	0,45	1
10	38	3,7	1,51	2,5	1
11	40	1,4	2,27	3,43	0
12	30	1,6	0,41	0,42	0
13	31	1,7	1,33	1,64	0
14	29	0,8	1,3	0,78	0
15	34	1,2	1,36	2,43	0
16	34	1	1,42	0,96	0
17	43	2,7	3,48	0,97	1
18	30	1,9	1,48	2,29	0

FIGURA 4.1 DADOS ORIGINAIS – SOFTWARE STATGRAPHICS

dados codificados.sf6					
	IDADE	TN	BETA	PAPPA	SAÍDA
1	3	0	0	0	0
2	3	0	0	0	0
3	3	0	0	0	0
4	2	0	0	0	0
5	3	0	0	0	0
6	2	0	0	0	0
7	3	0	0	0	0
8	2	0	0	0	0
9	3	1	0	0	1
10	3	0	1	0	1
11	3	1	0	0	0
12	2	0	0	1	0
13	3	0	0	0	0
14	2	0	0	0	0
15	3	0	0	0	0
16	3	0	0	0	0
17	4	1	0	0	1
18	2	0	0	0	0

FIGURA 4.2 DADOS CODIFICADOS – SOFTWARE STATGRAPHICS

Já no caso da rede em *VISUAL BASIC*, os dados foram inseridos através de arquivos texto como ilustra as Figuras 4.3 (parte dos dados originais) e 4.4 (parte dos dados codificados).

Entradas da Rede - Bloco de notas				
Arquivo	Editar	Formatar	Exibir	Ajuda
36,1.4,1.20,0.97,0				
36,1.8,1.20,0.97,0				
35,2.0,1.27,1.48,0				
27,1.5,0.27,0.72,0				
31,1.3,1.54,1.65,0				
25,1.1,1.04,1.07,0				
37,1.6,1.02,2.17,0				
25,2.9,0.98,0.68,0				
38,1.5,1.84,0.45,1				
38,3.7,1.51,2.50,1				
40,1.4,2.27,3.43,0				
30,1.6,0.41,0.42,0				
31,1.7,1.33,1.64,0				
29,0.8,1.30,0.78,0				
34,1.2,1.36,2.43,0				
34,1.0,1.42,0.96,0				
43,2.7,3.48,0.97,1				
30,1.9,1.48,2.29,0				

FIGURA 4.3 DADOS ORIGINAIS – ARQUIVO TEXTO

Entradas da Rede Codificadas				
Arquivo	Editar	Formatar	Exibir	Ajud
3,0,0,0,0				
3,0,0,0,0				
3,0,0,0,0				
2,0,0,0,0				
3,0,0,0,0				
2,0,0,0,0				
3,0,0,0,0				
2,0,0,0,0				
3,1,0,0,1				
3,0,1,0,1				
3,1,0,0,0				
2,0,0,1,0				
3,0,0,0,0				
2,0,0,0,0				
3,0,0,0,0				
3,0,0,0,0				
4,1,0,0,1				
2,0,0,0,0				

FIGURA 4.4 DADOS CODIFICADOS – ARQUIVO TEXTO

As Figuras 4.1, 4.2, 4.3 e 4.4 mostram apenas uma parte da tabela que é composta por 300 casos (padrões formadores do conjunto de treinamento). Nos Anexos III, IV, V e VI encontram-se todos os dados utilizados, separados por conjunto originais e codificados e ainda por conjunto de treinamento e teste. De forma semelhante, têm-se os arquivos para os conjuntos de testes.

A rede em *VISUAL BASIC*, com os dados codificados, foi treinada e testada 200 vezes, com quatro neurônios na camada de entrada; entre 1 e 20 neurônios na camada intermediária e um neurônio na saída. Têm-se, assim, as configurações (4 – (1 a 20) – 1) para todas as redes testadas.

Para cada número de neurônios na camada intermediária (entre 1 e 20) foram realizados 10 treinamentos, sendo que para cada treinamento um conjunto de pesos iniciais foi atribuído e também a cada treinamento foi aplicado o conjunto de testes.

No Quadro 4.2, a seguir, estão exemplificados alguns dos testes feitos. Neste quadro, em “Neurônios” tem-se o número de neurônios que foram utilizados na camada intermediária; em “Iterações”, tem-se o número de iterações necessárias para que o processo de treinamento convirja, lembrando que foram relacionados à rede os três critérios de parada definidos na Seção 3.2, onde $\epsilon = 0,000001$ e o número máximo de iterações é 2.000 e em “E” tem-se o erro quadrático. Tanto para o treinamento quanto para os testes ficam identificados no quadro a quantidade de acertos e de erros, assim como o percentual de acertos. O melhor resultado dentre os testes do Quadro 4.2 foi obtido no “teste 93”, onde o percentual de acertos para o conjunto de treinamento é de 93% e para o conjunto de testes, de 85,33%, mostrando a maior capacidade de generalização dentre estes testes.

		Teste 91	Teste 92	Teste 93	Teste 94	Teste 95	Teste 96	Teste 97	Teste 98	Teste 99	Teste 100
	Neurônios	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10
	Iterações	2000	2000	1159	2000	2000	1427	2000	2000	2000	464
	E	17,41	9,66	9,91	17,32	10,75	9,60	17,35	17,32	9,48	9,84
Treina- mento	Acertos	265	277	277	265	276	277	265	265	277	277
	Erros	35	23	23	35	24	23	35	35	23	23
	% Acertos	88,33	92,33	92,33	88,33	92	92,33	88,33	88,33	92,33	92,33
Teste	Acertos	115	119	128	115	111	121	115	115	121	121
	Erros	35	31	22	35	39	29	35	35	29	29
	% Acertos	76,67	79,33	85,33	76,67	74	80,67	76,67	76,67	80,67	80,67

QUADRO 4.2 RESULTADOS DA REDE EM *VISUAL BASIC* COM 10 NEURÔNIOS (PARA DADOS CODIFICADOS)

Para definir o número máximo de iterações (2.000), foram criados gráficos que demonstraram que entre 1.000 e 2.000 iterações o valor do E (erro quadrático) convergia para um valor satisfatório. As Figuras 4.5 e 4.6 mostram a relação entre o erro quadrático E (eixo y) e o número de iterações (eixo x). Também foram realizados treinamentos com 5.000, 10.000 e 20.000 iterações, mas o valor do erro quadrático não sofreu alterações significativas.

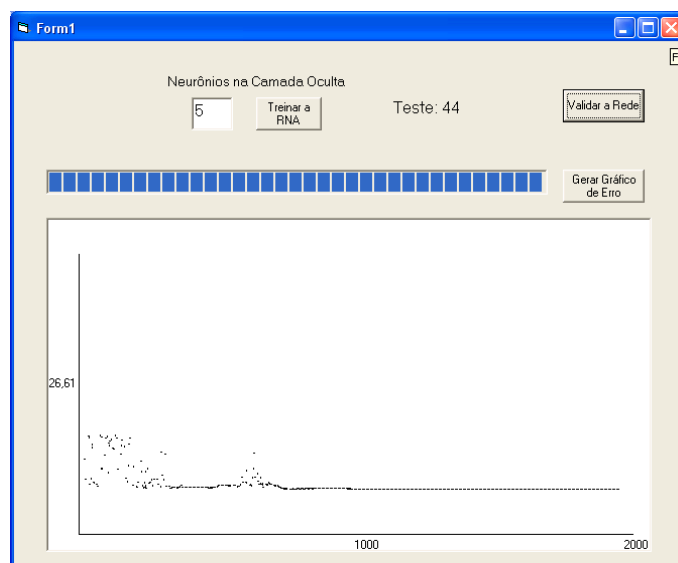


FIGURA 4.5 VARIAÇÃO DO ERRO COM O NÚMERO DE ITERAÇÕES (RN com 5 neurônios na camada oculta)

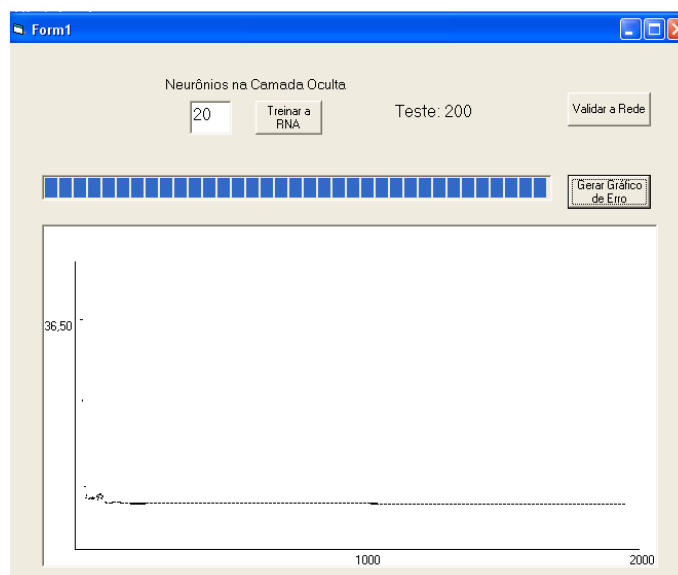


FIGURA 4.6 VARIAÇÃO DO ERRO COM O NÚMERO DE ITERAÇÕES (RN com 20 neurônios na camada oculta)

Em nenhum caso o critério de parada “se todos os padrões já tiverem sido classificados corretamente” ocorreu. Em muitos casos foi verificado que a diferença no erro quadrático entre duas iterações consecutivas foi menor do que ϵ pré-definido. A Figura 4.7, a seguir, mostra um destes casos.

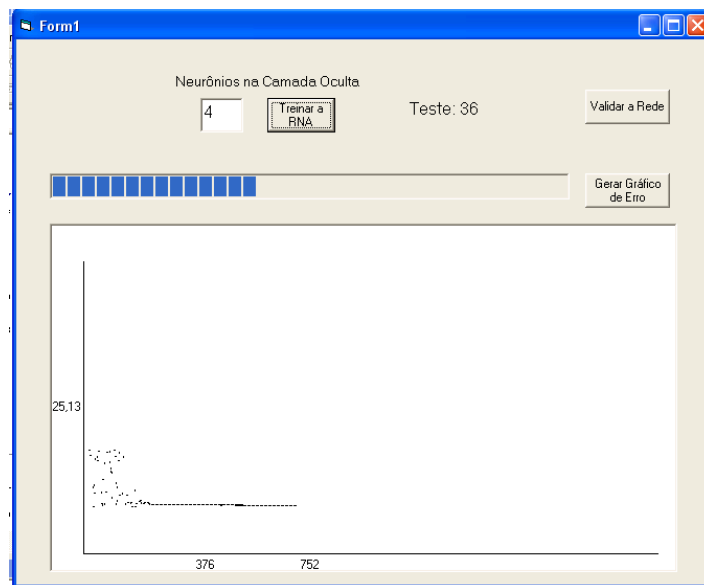


FIGURA 4.7 CRITÉRIO DE PARADA DE ACORDO COM O ÉPSILON

Com a aplicação das técnicas aos dados, da maneira descrita nesta Seção 4.1, foram gerados resultados apresentados na Seção 4.2, a seguir.

4.2 OBTENÇÃO DOS RESULTADOS

A apresentação dos resultados está de acordo com os dados utilizados: primeiramente são reportados os resultados obtidos a partir dos dados originais e, em seguida, são apresentados os resultados para os dados codificados, tanto para a técnica de RNA quanto para a técnica de RL.

4.2.1 UTILIZANDO OS DADOS ORIGINAIS

Utilizando os dados originais (sem a codificação dos atributos), os resultados obtidos através de cada uma das técnicas são apresentados a seguir.

4.2.1.1 RESULTADOS DAS RNAs

O *software STATGRAPHICS* gerou, automaticamente, uma RNA com 10 neurônios na camada intermediária, como mostra a Figura 4.8, a seguir, apresentando 93% de acertos para o conjunto de treinamento, como mostra o Quadro 4.3.

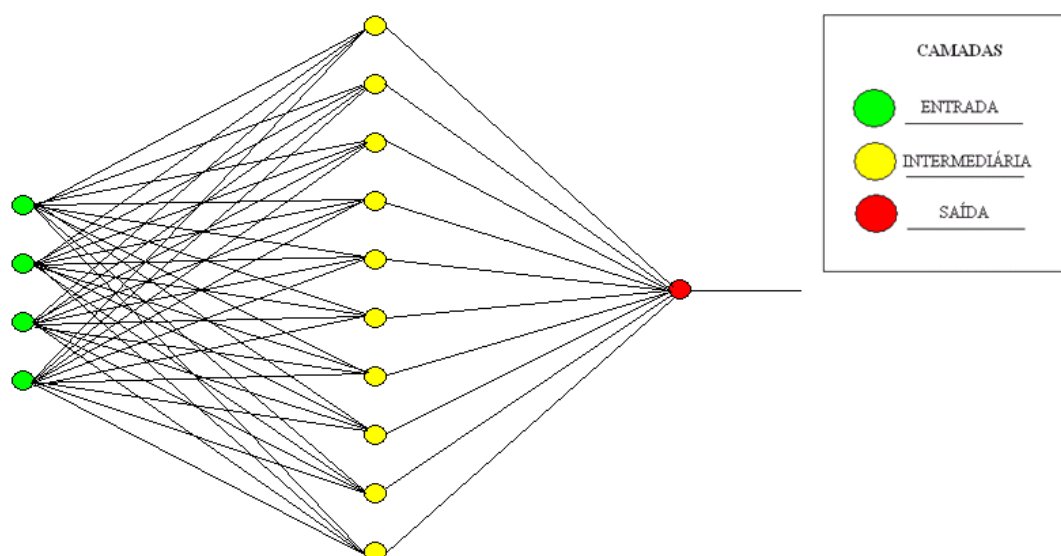


FIGURA 4.8 REDE NEURAL GERADA PELO *SOFTWARE STATGRAPHICS*

SAÍDA	CASOS	Acertos	% de acertos
0	227	222	97,7974
1	73	57	78,0822
Total	300	279	93,0000

QUADRO 4.3 DESEMPENHO DA RNA DA FIGURA 4.8 PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (*SOFTWARE STATGRAPHICS*)

Em relação ao conjunto de testes, a rede classificou corretamente 84% dos casos, como mostra o Quadro 4.4.

SAÍDA	Casos	Acertos	% de acertos
0	103	87	84,4660
1	47	39	82,9787
Total	150	126	84,0000

QUADRO 4.4 DESEMPENHO DA RNA DA FIGURA 4.8 PARA O CONJUNTO DE TESTE (*SOFTWARE STATGRAPHICS*)

A rede desenvolvida em *VISUAL BASIC* não classificou corretamente os padrões para os dados originais. Foram realizados testes com as diversas topologias (entre 1 e 20 neurônios na camada intermediária), foram variados o número de iterações de cada teste chegando a 20.000 iterações e o valor do erro quadrático ficou muito elevado e sempre muito próximo um do outro (estagnado), independentemente de se trabalhar com 1.000 ou com 20000 iterações. Em relação ao treinamento e teste, a rede citada classificou corretamente apenas as saídas “0”, ou seja, somente os casos onde o feto não teria a SD. Por este motivo, para esta etapa serão considerados apenas os resultados da rede gerada pelo *software STATGRAPHICS*.

4.2.1.2 RESULTADOS DA REGRESSÃO LOGÍSTICA

A inserção dos dados e uso do *software STATGRAPHICS* para a RL, resultou em um modelo com a forma apresentada em (4.1).

$$P(Y=1) = \frac{e^y}{1+e^y} \quad (4.1)$$

onde:

$$y = -18,5035 + 1,17666*BETA + 0,309142*IDADE - 0,739673*PAPPA + 2,83482*TN$$

relembrando que, a variável BETA faz relação à fração β livre do hormônio gonadotrofina coriônica humana (HCG); a variável PAPPA é relacionada à Proteína Plasmática Associada à gravidez A (PAPP-A); TN é a medida da Translucência Nucal; e, finalmente, a variável IDADE, refere-se à idade materna no momento da gravidez.

Além disso, através deste modelo foi gerada uma linha de corte, sugerida como ideal (em 0,3), baseada nos dados do Quadro 4.5 e Figura 4.9, a seguir. Essa linha indica que se os valores ao passarem pelo modelo ajustado ficarem abaixo da linha de corte, esses serão classificados como saída “0” e se assumirem valores superiores a linha de corte serão classificados como saída “1”.

Linha de Corte	“1”	“0”	Total
0,0	100,00	0,00	24,33
0,05	95,89	65,64	73,00
0,1	93,15	78,41	82,00
0,15	90,41	85,02	86,33
0,2	90,41	91,19	91,00
0,25	89,04	92,51	91,67
0,3	87,67	94,71	93,00
0,35	84,93	95,59	93,00
0,4	82,19	96,48	93,00
0,45	76,71	96,92	92,00
0,5	73,97	97,80	92,00
0,55	73,97	97,80	92,00
0,6	72,60	98,24	92,00
0,65	71,23	98,24	91,67
0,7	71,23	98,68	92,00
0,75	68,49	99,12	91,67
0,8	67,12	99,56	91,67
0,85	65,75	99,56	91,33
0,9	61,64	99,56	90,33
0,95	54,79	100,00	89,00
1,0	0,00	100,00	75,67

QUADRO 4.5 DESEMPENHO DE PREDIÇÃO (ACERTOS EM %)

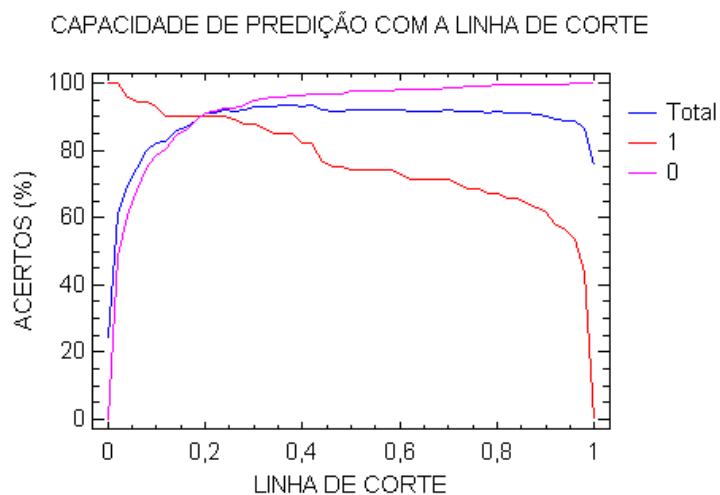


FIGURA 4.9 DEFINIÇÃO DA LINHA DE CORTE

Para esta técnica de classificação, o percentual de acertos ficou em 93% para o conjunto de treinamento. O Quadro 4.6 apresenta os resultados.

<i>SAÍDA</i>	<i>Casos</i>	<i>Acertos</i>	<i>% de acertos</i>
0	227	215	94,7136
1	73	64	87,6712
Total	300	279	93,0000

QUADRO 4.6 DESEMPENHO DA REGRESSÃO LOGÍSTICA PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (*SOFTWARE STATGRAPHICS*)

E para o conjunto de testes, obteve-se um acerto percentual de 78,6712, como mostra o Quadro 4.7.

<i>SAÍDA</i>	<i>Casos</i>	<i>Acertos</i>	<i>% de acertos</i>
0	103	74	71,8446
1	47	44	93,6170
Total	150	118	78,6667

QUADRO 4.7 DESEMPENHO DA REGRESSÃO LOGÍSTICA PARA O CONJUNTO DE TESTE (*SOFTWARE STATGRAPHICS*)

4.2.2 DADOS CODIFICADOS

Utilizando os dados codificados (Seção 2.4), os resultados obtidos através de cada uma das técnicas são apresentados a seguir.

4.2.1.3 RESULTADOS DAS RNAs

Com os dados codificados os resultados foram parecidos com os dados originais, quando aplicados no *software STATGRAPHICS*. A rede gerada também continha 10 neurônios na camada intermediária e obteve acerto de 93% dos casos no conjunto de treinamento, conforme Quadro 4.8.

<i>SAÍDA</i>	<i>Casos</i>	<i>Acertos</i>	<i>% de acertos</i>
0	227	222	97,7974
1	73	57	78,0822
Total	300	279	93,0000

QUADRO 4.8 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (*SOFTWARE STATGRAPHICS*)

Para o conjunto de treinamento foi encontrado 79,3333% de acertos entre os 150 casos aplicados a rede gerada pelo *software STATGRAPHICS*. O Quadro 4.9 mostra os acertos para cada tipo de saída e também no total.

SAÍDA	Casos	Acertos	% de acertos
0	103	76	73,7864
1	47	43	91,4893
Total	150	119	79,3333

**QUADRO 4.9 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TESTES
(SOFTWARE STATGRAPHICS)**

Os resultados da rede criada em *VISUAL BASIC* foram semelhantes aos encontrados pelo *software STATGRAPHICS*, tendo a rede classificado 92,3333% dos casos para o conjunto de treinamento e 85,3333% para o conjunto de testes. Conforme demonstram os Quadros 4.10 e 4.11.

SAÍDA	Casos	Acertos	% de acertos
0	227	214	94,2731
1	73	63	86,3014
Total	300	277	92,3333

**QUADRO 4.10 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE
TREINAMENTO (SOFTWARE VISUAL BASIC)**

SAÍDA	Casos	Acertos	% de acertos
0	103	85	82,5243
1	47	43	91,4893
Total	150	128	85,3333

**QUADRO 4.11 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TESTES
(SOFTWARE VISUAL BASIC)**

A rede que melhor classificou os casos foi a rede com 10 neurônios na camada intermediária. O Quadro 4.2, citado anteriormente, mostra os resultados dos treinamentos e testes realizados com a rede em *VISUAL BASIC* com 10 neurônios artificiais na camada oculta. Encontra-se, em no anexo VII, Quadros com os resultados gerados para cada treinamento e teste.

4.2.1.4 RESULTADOS DA REGRESSÃO LOGÍSTICA

Já o modelo logístico, com os dados codificados, classificou corretamente 91,6667% dos casos no conjunto de treinamento, o Quadro 4.12 mostra esse índice.

Modelo logístico múltiplo ajustado:

$$P(Y=1) = \frac{e^y}{1+e^y} \quad (4.2)$$

onde,

$$y = -8,27157 + 5,17552 \cdot \text{BETA} + 1,82787 \cdot \text{IDADE} + 1,35433 \cdot \text{PAPPA} + 1,48458 \cdot \text{TN}$$

SAÍDA	Casos	Acertos	% de acertos
0	227	218	96,0352
1	73	57	78,0821
Total	300	275	91,6667

QUADRO 4.12 DESEMPENHO DA RL PARA O CONJUNTO DE TREINAMENTO (SOFTWARE STATGRAPHICS)

Para o conjunto de teste o resultado obtido foi de 86% de acertos, conforme o Quadro 4.13.

SAÍDA	Casos	Acertos	% de acertos
0	103	87	84,4660
1	47	42	89,3617
Total	150	129	86,0000

QUADRO 4.13 DESEMPENHO DA RNA PARA O CONJUNTO DE TESTES (SOFTWARE STATGRAPHICS)

Através deste modelo foi gerada uma linha de corte, sugerida como ideal (em 0,3), baseada nos dados do Quadro 4.14 e Figura 4.10, a seguir. Essa linha indica que se os valores ao passarem pelo modelo ajustado ficarem abaixo da linha de corte, esses serão classificados como saída “0” e se assumirem valores superiores a linha de corte serão classificados como saída “1”.

Linha de corte	1	0	Total
0,0	100,00	0,00	24,33
0,05	97,26	33,48	49,00
0,1	91,78	81,06	83,67
0,15	91,78	81,50	84,00
0,2	89,04	85,90	86,67
0,25	82,19	94,27	91,33
0,3	78,08	96,04	91,67
0,35	78,08	96,04	91,67
0,4	78,08	96,04	91,67
0,45	78,08	96,04	91,67
0,5	78,08	96,04	91,67
0,55	75,34	96,92	91,67
0,6	71,23	97,80	91,33
0,65	57,53	98,68	88,67
0,7	57,53	98,68	88,67
0,75	57,53	98,68	88,67
0,8	57,53	98,68	88,67
0,85	57,53	98,68	88,67
0,9	47,95	98,68	86,33
0,95	41,10	99,56	85,33
1,0	0,00	100,00	75,67

QUADRO 4.14 DESEMPENHO DE PREDIÇÃO (ACERTOS EM %)

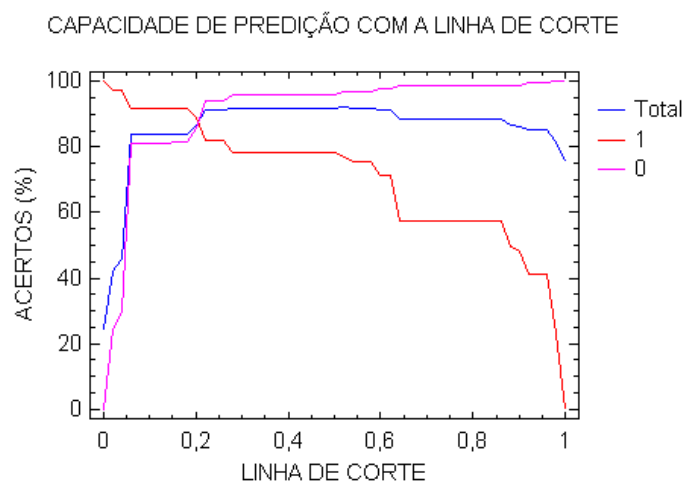


FIGURA 4.10 LINHA DE CORTE

4.3 COMPARAÇÃO DOS RESULTADOS

Os resultados obtidos para as duas técnicas (RNAs e RL) foram muito parecidos em relação ao treinamento, porém variou de forma considerável entre os testes. O Quadro 4.15 apresenta um comparativo entre os resultados.

Dados Originais	RNA		RL
	STATGRAPHICS	VISUAL BASIC	STATGRAPHICS
Treinamento	93,0000%	-	93,0000%
Testes	84,0000%	-	78,6667%
Dados Codificados			
Treinamento	93,0000%	92,3333%	91,6667%
Testes	79,3333%	85,3333%	86,0000%

QUADRO 4.15 COMPARAÇÃO ENTRE OS RESULTADOS (ACERTOS EM %)

Analisando-se os resultados obtidos através das duas técnicas (RNAs e RL), conclui-se que ambas foram satisfatórias sendo que, no entanto, a técnica da RL, com os dados codificados, pode ser considerada levemente superior, pois o percentual de acertos foi maior para o conjunto de testes (86%), apontando para uma maior capacidade de generalização desta técnica.

CAPÍTULO V

5 CONCLUSÕES E SUGESTÕES PARA TRABALHOS FUTUROS

Com base nos resultados gerados pelas técnicas apresentadas e testadas no presente trabalho, RNAs e RL, pode-se afirmar que as duas foram muito eficientes na classificação de padrões ligados ao risco de um feto ter SD, conforme pode-se observar no Quadro 5.1, a seguir, que apresenta um resumo de todos os procedimentos executados. Este risco foi medido com base na avaliação bioquímica de risco fetal (ABRF) no decorrer do primeiro trimestre de gravidez, alcançando o objetivo principal deste trabalho.

	Quantidade	Saída "0"	Saída "1"	RNAs (STATGRAPHICS)		
				Acertos Saída "0"	Acertos Saída "1"	% de Acertos
Dados Originais						
Treinamento	300	227	73	222	57	93,0000%
Teste	150	103	47	87	39	84,0000%
Dados Codificados						
Treinamento	300	227	73	222	57	93,0000%
Teste	150	103	47	76	43	79,3333%
	Quantidade	Saída "0"	Saída "1"	RNAs (VISUAL BASIC)		
				Acertos Saída "0"	Acertos Saída "1"	% de Acertos
Dados Originais						
Treinamento	300	227	73	-	-	-
Teste	150	103	47	-	-	-
Dados Codificados						
Treinamento	300	227	73	214	63	92,3333%
Teste	150	103	47	85	43	85,3333%
	Quantidade	Saída "0"	Saída "1"	RL (STATGRAPHICS)		
				Acertos Saída "0"	Acertos Saída "1"	% de Acertos
Dados Originais						
Treinamento	300	227	73	215	64	93,0000%
Teste	150	103	47	74	44	78,6667%
Dados Codificados						
Treinamento	300	227	73	218	57	91,6667%
Teste	150	103	47	87	42	86,0000%

QUADRO 5.1 RESUMO DOS PROCEDIMENTOS EXECUTADOS

Com os novos estudos na área de genética, em algum tempo existirão outras informações que poderão ser relacionadas às existentes, melhorando ainda mais o diagnóstico da SD, através de métodos não-invasivos. Já existem pesquisas concentradas nas características do ducto venoso e também nas características do nariz do feto. Características estas que poderão aumentar as chances de um diagnóstico satisfatório sem a necessidade de utilização dos métodos invasivos.

De posse desses novos indícios (atributos) acerca de um feto ter a SD, muitos outros trabalhos matemáticos poderão ser realizados e complementados com o objetivo de auxiliar o profissional geneticista no diagnóstico da SD.

Sugere-se para o desenvolvimento de trabalhos futuros, dentre outros, o seguinte:

- a utilização de RNAs para os mesmos dados, porém variando as taxas de aprendizagem e de momento;
- a utilização de um conjunto maior de dados;
- a utilização de um conjunto de dados com o mesmo número de casos para as saídas “0” e “1”, ou seja trabalhar com metade dos casos indicando que o feto tem a SD e a outra metade não possui indicações;
- o emprego de outras técnicas de classificação de padrões, com o objetivo de comparar os seus desempenhos;
- um estudo estatístico que crie relações binárias entre as variáveis, verificando se existe alguma relação mais forte entre pares, indicando a possível presença da doença no feto;
- agregar índices relevantes do segundo trimestre de gravidez aos índices do primeiro trimestre e realizar trabalhos de classificação de padrões;
- utilizar codificação conforme Figura 2.1 para a variável idade materna;
- utilizar outros tipos de RNAs, assim como outros algoritmos para o seu treinamento;
- aplicar análise exploratória dos dados preliminarmente ao uso das técnicas de reconhecimento de padrões;

- inserir linha de corte na rede em *VISUAL BASIC*, objetivando melhor desempenho da rede.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, F. C.; SIQUEIRA, J. O. *Comparação Entre Regressão Logística e Redes Neurais na Previsão de Falência de Bancos Brasileiros*. 3º Congresso Brasileiro de Redes Neurais, Florianópolis, Santa Catarina, 1997.
- APAE Araraquara, *Síndrome de Down*, disponível no endereço eletrônico www.techs.com.br/apae/down.htm acessado em 15/01/2008.
- BAPTISTELLA, M. O Uso de Redes Neurais e Regressão Linear Múltipla na Engenharia de Avaliações: Determinação dos Valores Venais de Imóveis Urbanos. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, 2005. (Dissertação de Mestrado).
- BERSINGER, N.A.; MEISSER, A.; BESSOU, T.; SEGUIN, P.; BIRKHÄUSER, M. H.; BISCHOF, P. Production and characterization of monoclonal antibodies against pregnancy – associated plasma protein A. *Molecular Human Reproduction*, v. 5, n. 7, p. 675-681, 1999.
- BUNDUKI, V.; RUANO, R.; PERALTA, C. F. A.; MIGUELEZ, J.; CARVALHO, M. B.; YOSHIKAWA, C. T.; ZUGAIB, M. *Rastreamento Antenatal da Síndrome de Down Utilizando Parâmetros Ultra-sonográficos*. *Revista Brasileira de Ginecologia e Obstetrícia*, Rio de Janeiro, v. 24, n. 9, 2002.
- BUSSAB, W. O.; MORETTIN, P. A. *Estatística Básica* – Editora Saraiva, 5ª Edição. São Paulo, 2004.
- CARVALHO, A.P.L.F. *Redes Neurais Artificiais*, 2000. Disponível em <<http://www.icmc.sc.usp.br/~andre/>> Acesso em 25 de julho de 2009.
- CASALS, E; AIBAR, C.; MARTINEZ, J. M.; BORRELL, A.; SOLER, A.; OJUEL, J.; BALLESTA, A. M.; FORTUNY, A. *First-trimester biochemical markers for down syndrome*. *Prenatal diagnosis*, v. 19, p. 08-11, 1999.
- CHAVES NETO, A. Notas de Aulas Apresentadas na disciplina de Análise Multivariada Aplicada à Pesquisa, 2008.
- COSTA NETO, P.L.O. *Estatística* – Editora Edgard Blücher LTDA, 2ª Edição. São Paulo, 2002.
- DIN – Departamento de Informática – UEM –Universidade Estadual de Maringá. *Uma Introdução as Redes Neurais*. Disponível em: <<http://www.din.uem.br/ia/neurais/>> Acesso em 17 de novembro de 2008.
- GAZETA DO POVO, Software detecta Síndrome de Down no início da gestação. *Jornal Impresso* publicado em 06/12/2007 e disponível no site <<http://portal.rpc.com.br/gazetadopovo/mundo/conteudo.phtml?tl=1&id=719516&tit=Software-detecta-sindrome-de-Down-no-inicio-da-gestacao>> Acesso em 12 de março de 2008.

HADDOW, J.E., PALOMAKI, G.E., KNIGHT, G.J., WILLIAMS, J., MILLER, W.A., JOHNSON, A. *Screening of maternal serum for fetal Down's syndrome in the first trimester*. New England Journal of Medicine, 338, p. 955-961, 1998.

HAYKIN, S. *Redes Neurais - Princípios e pratica*; 2º edição; Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Editora Bookman, 2001.

LEMO, E.P. *Análise de Crédito Bancário com o Uso de Data Mining: Redes Neurais e Árvores de Decisão*. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, 2003. (Dissertação de Mestrado)

LIMA, J.P. *Redes Neurais Artificiais Aplicadas à Otimização de Processos de Deposição de filmes finos poliméricos*. Universidade de São Paulo, São Paulo, São Paulo 2006. Disponível em: <<http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/3/3140/tde-05092006-130151>> (Dissertação de Mestrado). Acesso em 08 de março de 2009.

MEDEIROS, L. F. *Redes Neurais em Delphi*. 2ª. Edição. Florianópolis: Editora Visual Books, 2006.

MENDES FILHO, E.F. *Uma introdução à redes neurais artificiais*. São Paulo, 1997. Disponível em: <http://elson_mendes.sites.uol.com.br/rn/index.html> Acesso em 27 de dezembro de 2008.

MENDES, K.B. *O Uso de Redes Neurais Artificiais no Diagnóstico Preditivo dos Tipos mais Frequentes de Cefaléia*. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, 2008. (Dissertação de Mestrado).

MINUSSI, J.A.; DAMACENA, C.; NESS JR, W.L. Um modelo de previsão de solvência utilizando regressão logística. *Revista Administração Contemporânea*. 2002, vol.6, n.3, pp. 109-128. ISSN 1415-6555.

NICOLAIDES, K.H., AZAR, G., BYRNE, D., MANSUR, C., MARKS, K. *Fetal nuchal translucency: ultrasound screening for chromosomal defects in the first trimester of pregnancy*. British Medical Journal, v. 304, p. 867-869, 1992.

PALMA NETO, L.G; NICOLETTI, M.C. *Introdução às Redes Neurais Construtivas*. São Carlos, São Paulo: Editora da Universidade Federal de São Carlos, 2005.

PAVANELLI, G. *Análise do tempo de duração de processos trabalhistas utilizando redes neurais artificiais como apoio à tomada de decisões*. Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, 2007. (Dissertação de Mestrado).

PINTO, R. M. C., *Regressão Logística, Notas de Aula*. 2009.

PUPO FILHO, R. A. *Síndrome de Down - Causada por uma Alteração Cromossômica, é o Tipo Mais Comum de Retardo Mental*, São Paulo, 2000. Disponível em <<http://boasaude.uol.com.br/lib/ShowDoc.cfm?LibDocID=3789&ReturnCatID=1798>>. Acesso em 15 de Janeiro de 2008.

RASKIN, S. *Rastreamento Não Invasivo de Cromossopatias Fetais*, Palestra realizada no 1º Congresso Brasileiro de Enfermagem em Genética. São Paulo, 2006.

SIMPSON, J.L. *Choosing the best prenatal screening protocol*. New England Journal of Medicine, v. 353, n. 19, p. 2068-2070, 2005.

SOERGEL P., PRUGGMAYER M., SCHWERDTFEGER R., MUHLHAUS K., SCHARF A. *Screening for trisomy 21 with maternal age, fetal nuchal translucency and maternal serum biochemistry at 11-14 weeks: a regional experience from Germany*. Fetal Diagnosis Therapy, v. 21, n. 3, p. 264-268, 2006.

STEINER, M.T.A. *Redes Neurais*. Notas de aula apresentadas na disciplina de Pesquisa Operacional, Universidade Federal do Paraná, 2006.

STEINER, M.T.A. *Uma Metodologia para o Reconhecimento de Padrões Multivariados com Resposta Dicotômica*. Universidade Federal de Santa Catarina, 1995. (Tese de Doutorado).

WITTEN, H.; FRANK, E. *Data Mining: Practical machine learning tools with Java implementations*. Morgan Kaufmann, San Francisco, 2000.

ANEXOS

ANEXO I

FICHA DE AVALIAÇÃO BIOQUÍMICA DO RISCO FETAL (Risco Inferior)

NOME DA EMPRESA

A0120032904

Curitiba, 22/10/2003

Paciente: 9352 NOME DA PACIENTE

Solicitante: NOME DO MÉDICO

Data de Entrada: 15/10/2003

Exame Solicitado: TPS - AVALIAÇÃO BIOQUÍMICA DO RISCO FETAL - PRIMEIRO TRIMESTRE DE GESTAÇÃO (BETA-HCG E PAPP-A)

Data e hora coleta: 16/10/2003 08:53:55

Tipo coleta: EMPRESA SOLICITANTE

Idade Materna: 40 anos

Data da Ultrassonografia: 15/10/03

Data da Última Menstruação: 25/07/03

Idade Gestacional (data da coleta): 12 semanas e 02 dias

Translucência nuchal: 1,4 mm.

Fração Beta livre do HCG: 2,27 MoM.

Proteína Plasmática A associada à gravidez (PAPP-A): 3,43 MoM.

Resultados Finais:

Risco calculado para Síndrome de Down igual a 1/671

Risco calculado para Síndrome de Edwards igual a 1/>10.000

Risco para o procedimento de biópsia de vilo: 1/100

Risco para o procedimento de amniocentese: 1/200

Risco para Síndrome de Down inferior ao risco do procedimento de biópsia de vilo e amniocentese.

Risco para Síndrome de Edwards inferior ao risco do procedimento de biópsia de vilo e amniocentese.

Lembramos que este exame não é um teste diagnóstico, mas sim um rastreamento de risco.

Como rotina para todas as pacientes que realizam a Avaliação Bioquímica do Risco Fetal no primeiro trimestre, sugerimos o retorno da paciente entre a 14ª e 22ª semana e 3 dias de gestação para realização da Dosagem de Alfafetoproteína que completará o rastreamento bioquímico de defeitos do tubo neural, já que esta dosagem só é possível ser realizada a partir da 14ª semana gestacional.

Observação: SUGERIMOS O ACONSELHAMENTO GENÉTICO PARA INTERPRETAÇÃO DOS RESULTADOS.

Atenciosamente,

NOME DA FARMACÊUTICA

Farmacêutica-Bioquímica

Mestre em Bioquímica

CRF XXXXX

Observação: os dados em vermelhos ocultam os dados originais para proteger a integridade das pessoas e empresas consultadas.

ANEXO II

FICHA DE AVALIAÇÃO BIOQUÍMICA DO RISCO FETAL (Risco Superior)

NOME DA EMPRESA

A0120033052

Curitiba, 05/11/2003

Paciente: 1119 NOME DA PACIENTE

Solicitante: NOME DO MÉDICO

Data de Entrada: 29/10/2003

Exame Solicitado: TPS - AVALIAÇÃO BIOQUÍMICA DO RISCO FETAL - PRIMEIRO TRIMESTRE DE GESTAÇÃO (BETA-HCG E PAPP-A)

Data e hora coleta: 29/10/2003 15:33:03

Tipo coleta: EMPRESA SOLICITANTE

Idade Materna: 38 anos

Data da Ultrassonografia: 29/10/03

Idade Gestacional (data da coleta): 12 semanas e 02 dias

Translucência nuchal: 1,5 mm

Fração Beta livre do HCG: 1,84 MoM

Proteína Plasmática A associada à gravidez (PAPP-A): 0,45 MoM

Resultados Finais:

Risco calculado para Síndrome de Down igual a 1/71

Risco calculado para Síndrome de Edwards igual a 1/>10.000

Risco para o procedimento de biópsia de vilo: 1/100

Risco para o procedimento de amniocentese: 1/200

Risco para Síndrome de Down superior ao risco do procedimento de biópsia de vilo e amniocentese.

Risco para Síndrome de Edwards inferior ao risco do procedimento de biópsia de vilo e amniocentese.

Lembramos que este exame não é um teste diagnóstico, mas sim um rastreamento de risco.

Como rotina para todas as pacientes que realizam a Avaliação Bioquímica do Risco Fetal no primeiro trimestre, sugerimos o retorno da paciente entre a 14ª e 22ª semana e 3 dias de gestação para realização da Dosagem de Alfafetoproteína que completará o rastreamento bioquímico de defeitos do tubo neural, já que esta dosagem só é possível ser realizada a partir da 14ª semana gestacional.

Observação: SUGERIMOS O ACONSELHAMENTO GENÉTICO PARA INTERPRETAÇÃO DOS RESULTADOS.

Atenciosamente,

NOME DA FARMACÊUTICA

Farmacêutica-Bioquímica

Mestre em Bioquímica

CRF XXXXX

ANEXO III

Dados Originais (Treinamento)

Idade, TN, Beta-HCG, PAPP, Saída

36,1.4,1.20,0.97,0	37,1.6,0.37,0.92,0	30,1.0,1.12,1.54,0
36,1.8,1.20,0.97,0	20,4.1,1.15,0.26,1	25,1.7,1.09,1.48,0
35,2.0,1.27,1.48,0	30,9.1,5.24,1.24,1	37,1.1,1.20,1.55,0
27,1.5,0.27,0.72,0	33,2.3,0.91,1.33,0	35,1.5,0.53,0.42,0
31,1.3,1.54,1.65,0	34,1.2,0.79,0.34,0	35,1.6,1.43,1.28,0
25,1.1,1.04,1.07,0	30,1.1,0.97,0.66,0	36,1.1,2.14,0.67,1
37,1.6,1.02,2.17,0	28,1.7,0.34,0.29,0	38,1.7,0.44,0.61,0
25,2.9,0.98,0.68,0	36,1.8,0.85,0.29,0	36,1.8,0.78,0.73,0
38,1.5,1.84,0.45,1	31,3.0,0.87,0.36,1	30,3.3,0.91,0.25,1
38,3.7,1.51,2.50,1	21,0.8,0.49,0.56,0	40,1.1,1.65,1.81,0
40,1.4,2.27,3.43,0	35,1.0,0.73,0.49,0	37,1.2,1.19,1.51,0
30,1.6,0.41,0.42,0	27,2.1,0.60,0.38,0	43,2.9,0.69,1.90,1
31,1.7,1.33,1.64,0	33,0.8,0.73,0.78,0	35,1.2,2.23,1.18,0
29,0.8,1.30,0.78,0	36,2.5,1.13,0.96,0	33,1.5,0.78,1.62,0
34,1.2,1.36,2.43,0	36,0.5,0.64,1.01,0	32,1.8,1.08,0.97,0
34,1.0,1.42,0.96,0	39,1.6,0.86,0.90,0	40,1.1,0.79,0.75,0
43,2.7,3.48,0.97,1	35,4.4,1.78,0.26,1	41,2.5,2.06,0.50,1
30,1.9,1.48,2.29,0	44,1.9,1.39,0.42,1	37,1.0,1.29,0.43,0
30,2.7,1.63,1.65,0	25,1.4,0.77,0.83,0	35,2.0,1.80,0.55,1
17,4.5,0.48,0.52,1	30,1.2,1.21,2.70,0	33,1.3,1.06,0.75,0
34,1.9,1.68,1.06,0	32,1.6,0.93,0.25,0	37,1.1,0.85,1.59,0
31,3.0,1.25,2.68,0	36,1.3,1.76,1.50,0	40,1.1,0.79,1.97,0
28,2.7,0.93,0.54,0	41,1.0,2.33,0.97,0	38,2.0,0.51,1.55,0
35,1.4,1.70,1.48,0	36,1.6,1.24,0.80,0	28,1.8,0.69,2.32,0
39,1.5,1.21,1.67,0	32,4.3,0.59,0.15,1	40,1.8,0.76,0.51,0
43,3.0,2.71,1.58,1	23,2.3,1.48,0.52,1	39,1.5,1.59,0.35,0
37,1.1,1.48,1.33,0	37,1.9,0.65,2.20,0	34,5.0,0.87,0.23,1
37,1.4,0.54,0.48,0	37,1.1,1.75,1.01,0	40,1.5,0.78,0.65,0
36,1.2,0.95,1.07,0	43,1.3,0.65,1.34,0	35,1.0,0.76,1.11,0
21,2.6,1.50,2.07,0	29,1.2,0.44,0.82,0	38,1.4,1.11,1.20,0
36,4.2,1.36,2.04,1	31,4.5,0.93,0.74,1	31,1.4,0.88,0.80,0
38,1.1,0.87,0.51,0	26,1.1,1.23,1.23,0	40,3.1,1.78,1.94,1
33,2.5,0.40,0.38,0	28,1.3,1.30,1.42,0	38,3.2,2.80,1.81,1
35,1.1,0.94,2.15,0	28,1.1,1.50,1.39,0	26,4.5,0.73,1.73,1
36,3.9,2.08,0.88,1	35,1.6,1.06,0.97,0	42,0.9,0.93,0.81,0
45,1.5,1.94,0.67,1	30,1.1,1.32,1.49,0	39,1.2,0.76,1.19,0
42,4.9,2.60,3.12,1	20,1.5,0.73,0.95,0	24,1.3,0.33,0.81,0
36,1.0,0.77,0.69,0	42,0.9,0.96,0.37,1	36,1.8,0.52,1.34,0
33,1.6,0.65,0.24,0	39,1.3,1.02,0.59,0	33,1.6,0.60,0.89,0
39,1.7,0.86,0.20,1	35,1.9,0.76,1.77,0	34,1.5,0.94,0.48,0
25,1.5,1.01,0.90,0	31,1.4,1.77,1.04,0	42,3.7,0.79,5.23,1
28,2.0,0.91,0.81,0	34,1.2,1.55,0.70,0	31,1.4,0.50,1.00,0
38,1.8,2.50,1.82,0	42,3.1,0.60,0.75,1	30,1.0,1.48,0.27,0
26,1.5,0.54,0.44,0	30,1.0,0.79,0.47,0	36,1.4,0.86,1.28,0

38,1.0,0.60,0.50,0	35,1.5,0.93,2.15,0	35,1.9,0.76,1.75,0
43,1.3,1.33,0.62,1	36,3.9,2.03,1.88,1	21,1.4,1.77,1.34,0
26,1.6,0.81,1.17,0	45,1.5,1.93,2.67,1	34,1.2,1.55,0.80,0
30,1.6,1.34,0.81,0	46,4.9,2.64,1.12,1	42,3.1,0.60,0.65,1
28,1.3,1.80,1.08,0	36,1.1,0.75,1.69,0	20,1.0,0.79,0.67,0
38,1.6,1.21,1.94,0	30,1.4,0.35,1.98,0	30,1.2,1.12,1.74,0
26,2.2,1.53,0.99,0	39,1.3,0.46,1.80,1	25,1.4,2.09,1.88,0
39,1.4,1.18,1.10,0	25,1.2,1.51,0.90,0	37,1.2,1.24,1.95,0
37,1.4,0.80,1.31,0	28,1.0,0.61,0.81,0	35,1.4,0.43,0.32,0
34,2.5,0.63,0.84,0	38,1.2,2.60,1.81,0	35,1.6,1.53,1.20,0
34,2.2,0.93,1.69,0	26,1.5,0.74,0.23,0	41,1.9,2.64,0.60,1
37,1.6,1.69,0.90,0	37,1.6,1.37,0.42,0	38,1.7,0.24,0.60,0
25,1.9,0.47,0.36,0	40,4.1,2.15,0.21,1	36,1.1,0.38,0.70,0
42,1.1,0.19,0.22,0	37,5.1,5.13,0.24,1	30,4.8,0.51,0.23,1
31,0.7,2.26,1.53,0	33,2.3,0.21,2.33,0	40,1.1,1.35,1.82,1
39,1.9,1.10,0.84,0	34,1.3,0.79,1.34,0	37,1.2,2.39,1.56,1
30,1.8,0.90,1.59,0	30,1.5,0.17,2.66,0	43,4.9,3.69,1.90,1
41,1.9,3.10,0.27,1	28,1.4,1.34,2.29,0	35,0.2,2.23,2.18,0
41,1.8,4.20,0.27,1	36,1.3,1.85,2.29,0	33,1.5,0.78,2.62,0
38,2.0,1.27,1.48,0	41,1.0,1.87,0.21,1	32,1.8,1.08,1.97,0
22,1.5,0.27,0.72,0	21,1.4,0.39,0.56,0	40,3.1,0.79,1.75,1
31,1.0,1.54,1.65,0	35,1.0,0.33,0.49,0	41,5.5,2.06,1.50,1
21,1.1,2.04,1.07,0	27,2.1,0.30,0.38,0	37,1.0,1.29,1.43,0
17,1.6,1.02,2.18,0	33,0.8,0.43,0.78,0	45,2.0,1.80,0.55,1
20,2.0,0.98,0.69,0	36,2.5,1.53,0.96,0	33,1.3,1.06,0.75,0
43,1.9,4.84,0.46,1	36,0.5,0.74,1.11,0	37,1.1,0.85,2.59,0
39,3.7,3.51,1.52,1	39,1.6,0.66,0.50,0	40,3.1,0.79,0.97,0
19,1.4,1.27,3.43,0	37,4.5,1.88,0.16,1	38,2.0,0.51,0.55,0
18,1.6,2.41,1.42,0	44,1.9,1.99,0.42,1	28,1.8,0.69,2.32,0
31,1.5,1.33,1.24,0	25,1.4,0.47,2.83,0	40,2.3,0.76,0.51,1
29,1.5,2.35,0.28,0	30,1.4,1.21,1.71,0	39,1.3,1.59,0.35,1
34,1.2,1.45,2.42,0	32,1.3,0.93,4.25,0	34,5.0,0.87,0.23,1
34,1.0,1.92,0.26,0	36,1.3,1.76,0.50,0	40,1.9,0.78,0.65,1
42,2.7,3.57,1.97,1	41,1.3,2.43,0.97,0	35,1.0,0.76,1.12,0
31,1.3,1.58,4.29,0	36,1.6,1.24,0.80,0	38,1.4,1.11,1.23,0
39,2.7,3.61,0.21,1	32,4.5,3.59,0.15,1	31,1.4,0.88,0.50,0
47,4.5,0.25,0.52,1	35,3.3,2.48,0.52,1	40,3.1,1.78,1.54,1
23,1.9,1.68,1.06,0	37,1.9,2.65,0.20,0	38,3.6,2.80,1.86,1
31,3.0,2.26,1.68,0	37,1.1,2.75,1.01,0	26,2.5,0.73,1.77,1
24,2.7,0.93,2.54,0	43,1.3,0.45,1.34,0	42,0.9,2.93,0.98,1
35,1.4,1.72,2.48,0	29,1.2,0.44,0.82,0	39,1.2,2.76,1.99,0
39,1.5,1.31,1.37,0	31,4.5,1.00,1.74,1	24,1.3,1.33,0.91,0
43,3.0,1.71,1.48,1	26,1.1,1.24,2.23,0	36,0.8,1.52,2.90,0
37,1.2,1.58,1.53,0	28,1.3,1.50,0.42,0	33,0.6,0.40,0.89,0
37,1.5,0.64,0.68,0	28,1.1,1.66,1.39,0	34,1.0,0.44,0.48,0
46,1.1,0.65,1.67,0	35,1.1,1.07,0.94,0	42,3.0,0.29,5.13,1
21,1.3,1.10,2.67,0	30,1.2,3.32,1.43,0	31,1.2,0.20,1.01,0
39,4.0,4.36,2.74,1	20,1.5,2.73,0.93,0	30,1.0,1.42,0.25,0
37,1.1,0.87,0.71,0	42,4.9,1.96,0.32,1	36,1.4,0.85,1.24,0
33,1.5,0.42,1.38,0	39,1.3,1.02,0.54,0	38,1.0,0.64,0.54,0

43,1.3,1.34,0.34,1
26,1.6,0.82,1.37,0
19,1.4,1.38,1.21,0
27,1.4,0.20,4.21,0
34,1.5,0.23,1.25,0
34,1.2,0.93,1.11,0

30,1.6,1.31,0.21,0
28,1.3,1.84,2.02,0
37,1.2,1.29,0.67,0
25,1.3,0.27,0.21,0
42,1.1,0.14,0.34,0
31,0.4,2.23,2.58,0

38,1.6,1.41,2.22,0
26,2.2,1.43,2.99,0
45,1.9,1.12,1.18,1
30,1.3,0.90,1.28,0
39,1.2,1.10,1.38,0
32,1.1,0.90,1.48,0

ANEXO IV

Dados Originais (Testes)

Idade, TN, Beta-HCG, PAPP, Saída

20,2.00,1.4,0.67,0	34,1.54,0.7,1.43,0	24,0.97,1.2,1.00,0
40,4.15,1.7,0.37,1	36,2.23,1.8,2.34,0	38,0.98,3.4,0.49,1
31,2.23,0.9,2.67,0	28,2.02,1.3,0.42,0	37,1.46,1.5,0.40,0
22,2.34,0.6,3.87,0	20,1.43,0.4,1.10,0	36,4.25,2.7,0.75,1
31,2.54,1.4,1.67,0	30,2.54,2.7,2.99,0	41,2.87,0.8,0.16,0
33,2.91,2.4,0.55,0	21,1.65,2.7,3.21,0	36,1.83,1.5,2.57,0
41,3.81,0.9,0.22,1	29,4.13,1.6,1.90,0	41,1.87,3.5,0.41,1
19,4.17,3.4,0.67,1	34,3.00,2.0,0.97,1	35,6.20,0.6,0.29,1
41,2.75,1.2,0.22,1	41,5.12,1.6,0.17,1	42,2.15,1.7,2.15,1
38,2.52,1.7,0.58,0	36,3.00,1.4,1.21,0	43,2.54,0.6,0.39,0
41,2.00,1.4,0.67,1	37,2.21,1.5,0.30,0	27,1.96,1.5,0.34,0
30,3.25,1.3,0.27,1	51,1.01,1.2,0.33,1	34,1.00,1.3,0.99,0
19,2.23,0.9,2.67,0	36,4.10,1.4,2.34,0	33,0.57,1.1,1.02,0
21,4.34,2.1,0.37,1	38,3.50,1.4,0.65,0	39,2.54,2.0,0.28,1
33,2.54,1.6,1.67,0	39,1.05,2.0,0.23,1	40,1.54,0.2,0.29,0
34,2.91,1.5,0.22,0	42,1.75,0.5,0.90,0	41,5.00,0.4,0.24,1
35,3.81,0.6,3.22,0	46,3.40,1.9,0.20,1	48,3.30,1.7,0.13,1
23,4.17,4.4,2.67,0	47,0.75,0.9,0.80,0	34,1.12,0.8,0.98,0
21,3.05,1.3,0.82,0	32,5.21,2.3,1.89,1	26,0.98,0.9,0.41,0
33,2.52,0.7,1.98,0	28,0.70,0.7,2.00,0	24,1.02,1.9,1.99,0
44,3.10,0.9,0.87,1	46,0.80,0.7,0.23,0	23,2.95,2.4,0.95,0
50,7.51,1.6,0.26,1	41,1.10,1.8,0.25,1	41,1.35,2.3,2.00,1
19,5.41,1.9,1.00,1	31,2.12,2.0,0.30,1	37,4.18,1.4,0.41,1
20,2.56,1.7,2.25,0	27,1.35,1.3,1.76,0	37,0.58,0.5,0.46,0
25,0.75,0.5,1.99,0	19,2.05,1.4,0.20,0	25,1.04,1.7,1.02,0
38,0.84,0.9,3.81,0	27,2.43,0.3,2.54,0	37,5.85,1.7,0.99,1
41,1.24,0.9,0.67,0	34,1.45,0.5,2.66,0	36,1.09,1.5,0.42,0
40,2.20,1.2,3.84,0	33,2.42,1.0,1.27,0	36,2.00,0.7,0.24,0
37,1.98,1.5,0.40,0	31,1.25,2.2,1.33,0	41,2.35,0.7,0.50,0
36,2.65,1.2,0.78,0	30,1.79,1.1,3.05,0	42,4.00,2.3,0.19,1
40,2.98,1.9,0.21,1	45,0.95,3.1,0.29,1	35,2.02,0.4,1.95,0
42,7.16,3.1,0.15,1	47,1.28,0.6,1.00,0	44,4.15,0.2,0.56,0
42,0.17,0.9,1.12,0	38,1.95,4.1,0.43,1	47,4.00,1.7,0.54,1
45,3.04,1.7,0.98,1	34,2.33,1.2,0.15,0	34,2.54,1.2,0.96,0
33,4.91,1.5,2.54,1	33,3.33,1.3,0.60,0	24,2.99,0.8,0.42,0
34,0.94,1.9,0.57,1	32,1.37,1.5,1.01,0	36,1.98,0.8,3.01,0
32,3.12,0.4,0.15,0	51,2.32,1.7,2.21,0	33,1.31,1.6,2.21,0
31,2.43,0.5,1.12,0	49,2.56,2.8,0.99,1	37,2.05,2.5,2.02,1
38,1.03,0.4,2.12,0	21,2.23,0.2,0.64,0	34,0.51,0.5,0.37,0
41,0.84,0.3,1.48,0	35,1.65,0.7,1.46,0	41,1.63,0.6,1.45,0
39,0.98,0.2,1.87,0	35,0.87,0.8,1.61,0	42,1.23,2.4,0.10,1
33,0.78,0.3,1.76,0	36,0.64,0.9,0.19,0	36,1.12,0.4,0.43,0

48,0.90,1.5,2.04,0	42,1.17,1.6,0.40,1	30,0.95,2.0,1.45,0
43,0.34,1.6,1.16,0	37,2.18,1.7,0.26,1	38,2.50,1.1,1.87,0
37,2.20,1.1,2.19,0	35,4.04,0.8,0.15,1	41,8.21,1.1,0.99,1
35,2.03,2.0,0.37,1	35,0.85,0.3,0.18,0	29,4.12,1.2,1.54,0
43,0.95,1.0,2.01,0	33,0.75,1.9,1.47,0	35,3.12,0.4,1.28,0
21,2.42,3.2,0.25,1	34,0.50,0.2,0.87,0	36,2.08,0.6,1.65,0
37,0.34,1.3,2.00,0	29,0.98,1.2,1.54,0	37,1.90,1.7,2.54,0
39,2.26,1.5,1.99,0	31,1.58,1.0,0.98,0	33,2.15,0.8,1.12,0

ANEXO V

Dados Codificados (Treinamento)

Idade, TN, Beta-HCG, PAPPa, Saída

3,0,0,0,0	3,1,0,0,0	3,1,0,0,0	3,0,0,0,0	4,0,1,0,1
3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	2,1,0,0,0
3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	4,0,1,0,1	4,0,1,0,1	3,1,1,0,0
2,0,0,0,0	1,0,1,1,1	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0
3,0,0,0,0	2,1,1,0,1	2,0,0,0,0	2,0,0,1,0	3,1,0,0,0
2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,0,0,0,0	3,0,0,1,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	4,1,1,0,1
2,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,1,0	4,0,0,0,1	3,0,0,0,0
3,1,0,0,1	2,0,0,1,0	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,0,1,0,1	3,0,0,1,0	3,1,0,0,1	2,0,0,0,0	4,0,0,0,0
3,1,0,0,0	3,0,1,1,1	3,0,0,0,0	2,1,0,0,0	2,0,0,0,0
2,0,0,1,0	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,1,0,1
3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	2,0,1,1,1	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0
2,0,0,0,0	2,0,0,1,0	3,1,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	4,0,0,0,1	3,0,0,0,0	3,1,1,0,1
4,1,0,0,1	3,0,0,0,0	3,1,0,0,0	3,0,0,0,0	4,1,0,0,1
2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,0,0,0	4,1,1,0,1
2,1,0,0,0	3,1,1,1,1	3,0,0,0,0	2,0,0,1,0	3,0,0,0,0
1,0,1,0,1	4,0,0,1,1	3,0,0,0,0	4,0,0,1,0	2,0,0,0,0
3,1,0,0,0	2,0,0,0,0	4,1,0,0,1	3,1,0,0,0	3,0,0,0,1
3,0,1,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,1,0	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0
2,0,0,0,0	3,0,0,1,0	3,1,0,0,1	2,0,0,0,0	2,0,0,0,0
3,1,0,0,0	3,1,0,0,0	3,0,0,0,0	4,1,0,1,1	3,1,0,0,0
3,0,0,0,0	4,1,0,0,0	3,0,0,0,0	4,1,0,1,1	2,0,0,1,0
4,1,1,0,1	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,1,0
3,0,0,0,0	3,0,1,1,1	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,1,1,1,1
3,0,0,0,0	2,0,0,0,1	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,1,1,1
3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	2,1,0,0,0	3,0,0,0,0
2,0,0,0,0	3,1,0,0,0	3,0,0,1,0	1,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,0,1,0,1	4,0,0,0,0	3,0,1,1,1	1,0,0,0,0	2,0,0,0,0
3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	4,1,0,0,1	2,0,0,0,0
3,0,0,1,0	3,0,1,0,1	3,0,0,0,0	3,1,1,0,1	3,1,0,0,0
3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	1,0,0,0,0	4,1,0,1,1
3,1,1,0,1	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	1,1,0,0,0	2,0,0,0,0
4,1,0,0,1	2,0,0,0,0	3,1,1,0,1	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
4,1,1,0,1	3,0,0,0,0	3,1,1,0,1	2,1,0,1,0	2,0,0,1,0
3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	2,0,1,0,1	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,0,0,1,0	1,0,0,0,0	4,0,0,0,0	3,1,0,1,0	3,0,0,0,0
3,0,0,1,1	4,0,0,1,1	3,0,0,0,0	4,1,0,0,1	3,0,0,0,0
2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,0,1,1	3,1,1,1,1

4,1,0,1,1	2,1,0,0,0	3,0,0,0,1	3,0,0,0,1	4,0,0,1,1
2,0,0,0,0	1,1,0,0,0	3,1,0,0,1	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0
2,0,0,0,0	4,1,1,1,1	4,1,1,0,1	3,0,0,0,0	2,0,0,1,0
3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,0,0,0	3,0,0,0,0	2,1,0,0,0
3,1,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,1,0,1	3,0,0,0,0
4,1,0,0,0	2,1,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,1,0,1	2,0,0,0,0
3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,1,0,1	2,0,0,0,1	1,0,0,0,0
3,1,1,1,1	4,0,1,0,1	4,1,1,0,1	4,1,0,0,1	2,0,0,0,0
3,1,1,0,1	1,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,0,0,0	3,0,0,0,0
3,1,0,1,0	2,0,0,0,0	4,1,0,0,1	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,1,0,0,0	2,1,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
4,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	2,0,0,1,0
2,0,0,0,0	3,0,0,1,0	3,0,1,0,0	3,0,0,0,0	4,0,0,1,0
3,0,1,0,1	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	4,0,1,0,1	3,1,0,0,0
2,0,0,0,0	4,1,0,0,1	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	4,0,0,0,1
2,0,0,1,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,1	2,0,0,1,0	2,0,0,0,0
2,1,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,1,1	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,0,0,0,0	2,0,1,1,1	3,0,1,1,1	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0

ANEXO VI

Dados Codificados (Testes)

Idade, TN, Beta-HCG, PAPP, Saída

1,0,0,0,0	3,1,0,1,1	3,1,0,1,1	3,0,0,1,0	3,0,0,0,0
3,1,1,1,1	4,1,1,1,1	2,0,0,0,0	4,0,1,1,1	3,0,0,1,0
3,0,0,0,0	4,0,0,0,0	1,0,0,1,0	4,1,1,1,1	3,0,0,1,0
2,0,0,0,0	4,1,1,0,1	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	4,0,0,0,0
3,0,0,0,0	3,0,1,0,1	3,0,0,0,0	2,0,0,1,0	4,1,0,1,1
3,1,0,0,0	3,1,0,0,1	3,0,0,0,0	2,1,0,0,0	3,0,0,1,0
4,0,1,1,1	3,0,1,1,0	3,1,0,0,0	2,1,0,0,0	4,0,0,0,0
1,1,1,0,1	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	4,1,0,0,1	4,0,0,0,0
4,0,0,1,1	3,0,0,0,0	4,1,0,1,1	3,0,1,1,1	3,0,0,0,0
3,1,0,0,0	3,1,0,0,0	4,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,1,0,1,1
4,0,0,0,1	2,0,0,1,0	3,1,0,1,1	2,1,0,0,0	4,0,0,0,0
2,0,1,1,1	1,0,0,0,0	3,0,0,1,0	3,1,1,0,1	2,1,0,1,1
1,0,0,0,0	2,1,0,0,0	3,0,1,0,0	3,0,0,1,0	3,0,0,0,0
2,1,1,1,1	2,1,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,1,0	3,0,0,0,0
3,0,0,0,0	2,0,1,0,0	4,1,0,0,0	4,0,0,0,0	4,0,0,1,1
3,0,0,1,0	3,1,1,0,1	4,1,0,0,1	4,1,1,1,1	3,1,0,1,1
3,0,1,0,0	4,0,1,1,1	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,1,1,1
2,1,1,0,0	3,0,1,0,0	3,1,0,0,1	4,0,1,0,0	3,0,0,1,0
2,0,1,0,0	3,0,0,1,0	3,0,0,1,0	4,1,1,0,1	3,1,0,0,0
3,0,0,0,0	4,0,0,1,1	3,1,1,0,1	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
4,0,1,0,1	3,0,1,0,0	4,0,0,1,0	2,0,0,1,0	2,0,0,0,0
4,0,1,1,1	3,0,1,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
1,1,1,0,1	3,1,0,1,1	4,1,0,1,1	3,0,0,0,0	2,1,0,0,0
1,1,0,0,0	4,0,0,0,0	3,0,1,1,1	3,1,0,0,1	3,0,0,0,0
2,0,0,0,0	4,1,1,1,1	4,1,0,0,1	3,0,0,0,0	4,0,1,0,1
3,0,0,0,0	4,0,0,0,0	4,0,0,1,0	4,0,0,0,0	2,0,1,0,0
4,0,0,0,0	3,1,1,0,1	2,0,0,1,0	3,0,0,0,0	3,0,1,0,0
3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0
3,0,0,1,0	4,0,0,1,0	3,0,0,0,0	2,0,0,0,0	3,1,0,0,0
3,0,0,0,0	4,1,0,1,1	3,1,0,1,1	3,0,0,0,0	3,0,0,0,0

ANEXO VII

RESULTADOS DAS REDES EM VISUAL BASIC

(PARA DADOS CODIFICADOS)

		Teste 1	Teste 2	Teste 3	Teste 4	Teste 5	Teste 6	Teste 7	Teste 8	Teste 9	Teste 10
	Neurônios	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
	Iterações	2000	411	596	562	2000	2000	2000	2000	2000	2000
	E	10,7991	15,9819	15,9833	15,9835	11,0413	14,5267	10,9879	11,0406	10,6838	10,8014
Treinamento	Acertos	276	265	265	265	276	260	276	276	276	276
	Erros	24	35	35	35	24	40	24	24	24	24
	% Acertos	92	88,33	88,33	88,33	92	86,67	92	92	92	92
Teste	Acertos	111	115	115	115	121	100	121	121	111	111
	Erros	39	35	35	35	29	50	29	29	39	39
	% Acertos	74	76,67	76,67	76,67	80,67	66,67	80,67	80,67	74	74

		Teste 11	Teste 12	Teste 13	Teste 14	Teste 15	Teste 16	Teste 17	Teste 18	Teste 19	Teste 20
	Neurônios	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
	Iterações	2000	836	2000	2000	815	1356	1016	641	610	2000
	E	10,0852	9,8513	9,9329	9,9361	10,0838	10,0716	10,0818	9,8529	10,0892	10,6465
Treinamento	Acertos	276	277	276	276	276	276	276	277	276	276
	Erros	24	23	24	24	24	24	24	23	24	24
	% Acertos	92	92,33	92	92	92	92	92	92,33	92	92
Teste	Acertos	121	121	121	121	121	111	121	121	121	111
	Erros	29	29	29	29	29	39	29	29	29	39
	% Acertos	80,67	80,67	80,67	80,67	80,67	74	80,67	80,67	80,67	74

		Teste 21	Teste 22	Teste 23	Teste 24	Teste 25	Teste 26	Teste 27	Teste 28	Teste 29	Teste 30
	Neurônios	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
	Iterações	2000	2000	788	2000	2000	2000	383	1707	2000	2000
	E	9,75170	9,77056	9,90384	9,85411	9,77348	9,91616	9,92412	9,86112	9,91946	9,88039
Treinamento	Acertos	277	276	277	277	276	276	276	277	276	277
	Erros	23	24	23	23	24	24	24	23	24	23
	% Acertos	92,33	92	92,33	92,33	92	92	92	92,33	92	92,33
Teste	Acertos	121	121	121	121	121	121	121	121	111	121
	Erros	29	29	29	29	29	29	29	29	39	29
	% Acertos	80,67	80,67	80,67	80,67	80,67	80,67	80,67	80,67	74	80,67

		Teste 31	Teste 32	Teste 33	Teste 34	Teste 35	Teste 36	Teste 37	Teste 38	Teste 39	Teste 40
Treinamento	Neurônios	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4
	Iterações	2000	2000	1253	2000	443	752	2000	2000	655	2000
	E	10,1225	10,0390	10,0262	9,9951	9,9253	9,9607	10,3991	9,9284	9,7012	9,6688
	Acertos	277	275	277	277	276	277	276	276	276	277
	Erros	23	25	23	23	24	23	24	24	24	23
	% Acertos	92,33	91,67	92,33	92,33	92	92,33	92	92	92	92,33
	Teste	Acertos	121	118	121	121	121	111	121	121	121
		Erros	29	32	29	29	29	39	29	29	
		% Acertos	80,67	78,67	80,67	80,67	80,67	74	80,67	80,67	80,67

		Teste 41	Teste 42	Teste 43	Teste 44	Teste 45	Teste 46	Teste 47	Teste 48	Teste 49	Teste 50
Treinamento	Neurônios	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5
	Iterações	2000	2000	2000	2000	1112	2000	2000	2000	1432	2000
	E	9,5104	9,7362	10,0583	9,8558	9,8962	10,1498	9,8205	9,7098	9,7007	9,8623
	Acertos	277	276	276	277	276	276	276	276	276	276
	Erros	23	24	24	23	24	24	24	24	24	24
	% Acertos	92,33	92	92	92,33	92	92	92	92	92	92
	Teste	Acertos	121	111	121	121	111	111	111	128	121
		Erros	29	39	29	29	39	39	39	22	29
		% Acertos	80,67	74	80,67	80,67	74	72,67	74	85,33	80,67

		Teste 51	Teste 52	Teste 53	Teste 54	Teste 55	Teste 56	Teste 57	Teste 58	Teste 59	Teste 60
	Neurônios	6	6	6	6	6	6	6	6	6	6
	Iterações	2000	947	2000	619	2000	996	2000	555	2000	2000
	E	9,9373	9,7855	9,8246	10,0391	10,0131	10,0863	9,9768	10,1164	16,9542	9,5571
Treinamento	Acertos	277	276	276	276	276	277	276	276	265	277
	Erros	23	24	24	24	24	23	24	24	35	23
	% Acertos	92,33	92	92	92	92	92,33	92	92	88,33	92,33
Teste	Acertos	121	120	121	121	121	121	111	111	115	121
	Erros	29	30	29	29	29	29	39	39	35	29
	% Acertos	80,67	80	80,67	80,67	80,67	80,67	74	74	76,67	80,67

		Teste 61	Teste 62	Teste 63	Teste 64	Teste 65	Teste 66	Teste 67	Teste 68	Teste 69	Teste 70
	Neurônios	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7
	Iterações	2000	2000	624	2000	2000	2000	2000	2000	2000	923
	E	9,6504	9,6994	9,9611	10,5930	10,6544	9,9222	10,1248	10,7211	9,7755	9,7613
Treinamento	Acertos	276	276	277	277	276	277	277	277	276	277
	Erros	24	24	23	23	24	23	23	23	24	23
	% Acertos	92	92	92,33	92,33	92	92,33	92,33	92,33	92	92,33
Teste	Acertos	121	111	121	121	111	121	121	121	121	121
	Erros	29	39	29	29	39	29	29	29	29	29
	% Acertos	80,67	74	80,67	80,67	74	80,67	80,67	80,67	80,67	80,67

		Teste 71	Teste 72	Teste 73	Teste 74	Teste 75	Teste 76	Teste 77	Teste 78	Teste 79	Teste 80
Treinamento	Neurônios	8	8	8	8	8	8	8	8	8	8
	Iterações	1365	2000	1745	995	1635	2000	830	2000	2000	2000
	E	17,3102	10,4855	9,7222	17,2653	17,1370	15,8083	9,9354	10,0867	9,5402	9,5999
	Acertos	265	276	277	265	265	265	276	277	277	277
	Erros	35	24	23	35	35	35	24	23	23	23
	% Acertos	88,33	92	92,33	88,33	88,33	88,33	92	92,33	92,33	92,33
Teste	Acertos	115	111	121	115	115	115	121	121	121	121
	Erros	35	39	29	35	35	35	29	29	29	29
	% Acertos	76,67	74	80,67	76,67	76,67	76,67	80,67	80,67	80,67	80,67

		Teste 81	Teste 82	Teste 83	Teste 84	Teste 85	Teste 86	Teste 87	Teste 88	Teste 89	Teste 90
	Neurônios	9	9	9	9	9	9	9	9	9	9
	Iterações	1011	1210	2000	2000	1273	2000	898	2000	2000	2000
	E	17,5000	17,2455	9,5999	17,3666	17,5000	9,9885	10,1808	17,3588	17,3014	9,7089
Treinamento	Acertos	265	265	277	265	265	276	277	265	265	277
	Erros	35	35	23	35	35	24	23	35	35	23
	% Acertos	88,33	88,33	92,33	88,33	88,33	92	92,33	88,33	88,33	92,33
Teste	Acertos	115	115	121	115	115	121	121	115	115	121
	Erros	35	35	29	35	35	29	29	35	35	29
	% Acertos	76,67	76,67	80,67	76,67	76,67	80,67	80,67	76,67	76,67	80,67

		Teste 91	Teste 92	Teste 93	Teste 94	Teste 95	Teste 96	Teste 97	Teste 98	Teste 99	Teste 100
Treinamento	Neurônios	10	10	10	10	10	10	10	10	10	10
	Iterações	2000	2000	1159	2000	2000	1427	2000	2000	2000	464
	E	17,4190	9,6661	9,9180	17,3219	10,7596	9,6045	17,3523	17,3259	9,4850	9,8465
	Acertos	265	277	277	265	276	277	265	265	277	277
	Erros	35	23	23	35	24	23	35	35	23	23
	% Acertos	88,33	92,33	92,33	88,33	92	92,33	88,33	88,33	92,33	92,33
Teste	Acertos	115	119	128	115	111	121	115	115	121	121
	Erros	35	31	22	35	39	29	35	35	29	29
	% Acertos	76,67	79,33	85,33	76,67	74	80,67	76,67	76,67	80,67	80,67

		Teste 101	Teste 102	Teste 103	Teste 104	Teste 105	Teste 106	Teste 107	Teste 108	Teste 109	Teste 110
	Neurônios	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11
	Iterações	2000	2000	2000	2000	1037	1803	502	2000	2000	2000
	E	17,3598	9,6116	17,2256	17,4955	10,1246	17,3271	9,5766	9,6223	17,3334	17,4989
Treinamento	Acertos	265	277	265	265	275	265	277	277	265	265
	Erros	35	23	35	35	25	35	23	23	35	35
	% Acertos	88,33	92,33	88,33	88,33	91,67	88,33	92,33	92,33	88,33	88,33
Teste	Acertos	115	121	115	115	118	115	120	119	115	115
	Erros	35	29	35	35	32	35	30	31	35	35
	% Acertos	76,67	80,67	76,67	76,67	78,67	76,67	80	79,33	76,67	76,67

		Teste 111	Teste 112	Teste 113	Teste 114	Teste 115	Teste 116	Teste 117	Teste 118	Teste 119	Teste 120
	Neurônios	12	12	12	12	12	12	12	12	12	12
	Iterações	2000	1155	1842	2000	2000	321	2000	779	2000	1673
	E	17,4236	17,2042	17,2475	9,6183	9,5731	17,2637	9,5161	9,8435	17,2033	17,1850
Treinamento	Acertos	265	265	265	277	277	265	277	277	265	265
	Erros	35	35	35	23	23	35	23	23	35	35
	% Acertos	88,33	88,33	88,33	92,33	92,33	88,33	92,33	92,33	88,33	88,33
Teste	Acertos	115	115	115	121	121	115	121	121	115	115
	Erros	35	35	35	29	29	35	29	29	35	35
	% Acertos	76,67	76,67	76,67	80,67	80,67	76,67	80,67	80,67	76,67	76,67

		Teste 121	Teste 122	Teste 123	Teste 124	Teste 125	Teste 126	Teste 127	Teste 128	Teste 129	Teste 130
	Neurônios	13	13	13	13	13	13	13	13	13	13
	Iterações	2000	2000	847	2000	2000	2000	2000	2000	2000	2000
	E	17,4896	9,6201	9,8478	9,5576	17,2530	17,2079	9,5397	9,5073	9,5135	17,4998
Treinamento	Acertos	265	277	277	277	265	265	277	277	277	265
	Erros	35	23	23	23	35	35	23	23	23	35
	% Acertos	88,33	92,33	92,33	92,33	88,33	88,33	92,33	92,33	92,33	88,33
Teste	Acertos	115	121	121	121	115	115	121	121	121	115
	Erros	35	29	29	29	35	35	29	29	29	35
	% Acertos	76,67	80,67	80,67	80,67	76,67	76,67	80,67	80,67	80,67	76,67

		Teste 131	Teste 132	Teste 133	Teste 134	Teste 135	Teste 136	Teste 137	Teste 138	Teste 139	Teste 140
	Neurônios	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14
	Iterações	2000	2000	2000	2000	2000	2000	2000	2000	2000	826
	E	9,5864	10,0869	17,2184	14,2187	9,4906	9,6326	9,6099	17,3106	17,3264	9,9138
Treinamento	Acertos	277	277	265	265	277	277	277	265	265	277
	Erros	23	23	35	35	23	23	23	35	35	23
	% Acertos	92,33	92,33	88,33	88,33	92,33	92,33	92,33	88,33	88,33	92,33
Teste	Acertos	121	121	115	115	121	120	121	115	115	121
	Erros	29	29	35	35	29	30	29	35	35	29
	% Acertos	80,67	80,67	76,67	76,67	80,67	80	80,67	76,67	76,67	80,67

		Teste 141	Teste 142	Teste 143	Teste 144	Teste 145	Teste 146	Teste 147	Teste 148	Teste 149	Teste 150
	Neurônios	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15
	Iterações	2000	729	2000	2000	1282	1969	308	2000	2000	1124
	E	9,5175	9,8508	9,5998	9,4716	17,2965	17,2696	9,7057	9,5956	9,7420	17,5000
Treinamento	Acertos	277	277	277	277	265	265	277	277	277	265
	Erros	23	23	23	23	35	35	23	23	23	35
	% Acertos	92,33	92,33	92,33	92,33	88,33	88,33	92,33	92,33	92,33	88,33
Teste	Acertos	121	121	121	121	115	115	121	121	121	115
	Erros	29	29	29	29	35	35	29	29	29	35
	% Acertos	80,67	80,67	80,67	80,67	76,67	76,67	80,67	80,67	80,67	76,67

		Teste 151	Teste 152	Teste 153	Teste 154	Teste 155	Teste 156	Teste 157	Teste 158	Teste 159	Teste 160
	Neurônios	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16
	Iterações	2000	2000	1564	2000	2000	2000	2000	2000	2000	2000
	E	9,5257	17,3509	9,9226	9,5809	9,4987	9,6683	9,5621	17,2257	17,3430	9,5709
Treinamento	Acertos	277	265	277	277	277	277	277	265	265	277
	Erros	23	35	23	23	23	23	23	35	35	23
	% Acertos	92,33	88,33	92,33	92,33	92,33	92,33	92,33	88,33	88,33	92,33
Teste	Acertos	121	115	121	121	121	121	121	115	115	121
	Erros	29	35	29	29	29	29	29	35	35	29
	% Acertos	80,67	76,67	80,67	80,67	80,67	80,67	80,67	76,67	76,67	80,67

		Teste 161	Teste 162	Teste 163	Teste 164	Teste 165	Teste 166	Teste 167	Teste 168	Teste 169	Teste 170
	Neurônios	17	17	17	17	17	17	17	17	17	17
	Iterações	461	2000	2000	2000	806	551	803	1655	1720	2000
	E	17,5000	17,4996	9,7161	9,6046	9,6541	9,7498	17,5000	9,6385	9,6473	17,2695
Treinamento	Acertos	265	265	276	277	277	276	265	276	277	265
	Erros	35	35	24	23	23	24	35	24	23	35
	% Acertos	88,33	88,33	92	92,33	92,33	92	88,33	92	92,33	88,33
Teste	Acertos	115	115	121	121	121	121	115	111	121	115
	Erros	35	35	29	29	29	29	35	39	29	35
	% Acertos	76,67	76,67	80,67	80,67	80,67	80,67	76,67	74	80,67	76,67

		Teste 171	Teste 172	Teste 173	Teste 174	Teste 175	Teste 176	Teste 177	Teste 178	Teste 179	Teste 180
	Neurônios	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18
	Iterações	1266	2000	2000	2000	2000	1783	2000	2000	2000	899
	E	17,5000	9,4987	9,6155	9,6350	9,4897	17,5000	17,3354	9,6308	9,5440	17,5000
Treinamento	Acertos	265	277	277	277	277	265	265	277	277	265
	Erros	35	23	23	23	23	35	35	23	23	35
	% Acertos	88,33	92,33	92,33	92,33	92,33	88,33	88,33	92,33	92,33	88,33
Teste	Acertos	115	121	121	121	121	115	115	121	121	115
	Erros	35	29	29	29	29	35	35	29	29	35
	% Acertos	76,67	80,67	80,67	80,67	80,67	76,67	76,67	80,67	80,67	76,67

		Teste 181	Teste 182	Teste 183	Teste 184	Teste 185	Teste 186	Teste 187	Teste 188	Teste 189	Teste 190
	Neurônios	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19
	Iterações	2000	2000	2000	2000	1454	2000	2000	2000	624	672
	E	9,6270	9,5872	17,4013	9,5480	17,5000	9,5682	9,4585	9,6154	17,5000	10,0710
Treinamento	Acertos	277	277	265	277	265	277	277	277	265	276
	Erros	23	23	35	23	35	23	23	23	35	24
	% Acertos	92,33	92,33	88,33	92,33	88,33	92,33	92,33	92,33	88,33	92
Teste	Acertos	121	121	115	121	115	121	121	121	115	121
	Erros	29	29	35	29	35	29	29	29	35	29
	% Acertos	80,67	80,67	76,67	80,67	76,67	80,67	80,67	80,67	76,67	80,67

		Teste 191	Teste 192	Teste 193	Teste 194	Teste 195	Teste 196	Teste 197	Teste 198	Teste 199	Teste 200
Treinamento	Neurônios	20	20	20	20	20	20	20	20	20	20
	Iterações	2000	2000	2000	2000	737	2000	2000	2000	2000	2000
	E	17,4987	9,5982	9,6400	17,3305	17,5000	17,4811	9,6305	9,6205	9,5513	9,6499
	Acertos	265	277	277	265	265	265	277	277	277	277
	Erros	35	23	23	35	35	35	23	23	23	23
	% Acertos	88,33	92,33	92,33	88,33	88,33	88,33	92,33	92,33	92,33	92,33
Teste	Acertos	115	121	121	115	115	115	121	121	121	121
	Erros	35	29	29	35	35	35	29	29	29	29
	% Acertos	76,67	80,67	80,67	76,67	76,67	76,67	80,67	80,67	80,67	80,67